

APLICACIÓN DEL MODELO ESTADÍSTICO AMMI COMO MÉTODO DE  
SELECCIÓN EN MEJORAMIENTO DE PLANTAS DE CULTIVOS ANUALES.

JORGE ENRIQUE QUEVEDO BUITRAGO



UNIVERSIDAD TECNOLÓGICA DE PEREIRA UTP

FACULTAD DE INGENIERÍA INDUSTRIAL

PEREIRA

2018

JORGE ENRIQUE QUEVEDO BUITRAGO

Trabajo de Grado para optar

Por el título de magister en Investigación Operativa y Estadística

Asesor: Álvaro Celis Forero

UNIVERSIDAD TECNOLÓGICA DE PEREIRA UTP

FACULTAD DE INGENIERÍA INDUSTRIAL

PEREIRA

2018

## DEDICATORIA

Dedico este trabajo a una maravillosa mujer que siempre está a mi lado para apoyarme en cada una de las metas, tanto profesionales como personales, a ti Johanna Firigua por ser mi pareja, amiga y amante.

A mi hijo hermoso Jorge Alejandro que llego finalizando este trabajo y me dio esa luz que me faltaba para terminarla.

A mi madre Flora María Buitrago por apoyarme y por enseñarme la importancia de estudiar y superarme.

A mi padre Teodoro Quevedo por ser parte de este proceso, por sus consejos y palabras de apoyo en los momentos difíciles.

A mi hermano David quien es mi amigo del alma, mi confidente y siempre ha sido incondicional en todos mis proyectos.

## AGRADECIMIENTOS

Agradezco en primer lugar a mi asesor de tesis, profesor Álvaro Celis Forero por guiarme en este proceso tan importante para mi desarrollo profesional.

A mi tío Bernabé quien desde hace doce años me acompaña en cada una de las etapas académicas que he estudiado y que además de ser un familiar se ha convertido en mi amigo y mi compañero de trabajo.

A John Zamudio por brindarme su casa durante los dos años que cursé la maestría y ayudarme a sacar adelante esta meta.

A cada uno de los compañeros de la maestría, en especial a Oscala y a Edgar por compartir y discutir su conocimiento en las diferentes temáticas vistas.

Al profesor Soto por inculcarnos la academia y el don de ser docentes.

## TABLA CONTENIDO

<b>1</b>	<b>Contenido</b>	
2	RESUMEN .....	10
3	JUSTIFICACIÓN .....	12
4	PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA.....	13
5	OBJETIVOS .....	14
5.1	OBJETIVO GENERAL .....	14
5.2	OBJETIVOS ESPECIFICOS .....	14
6	ANTECEDENTES Y REVISION BIBLIOGRAFICA .....	15
6.1	Evaluación de métodos para análisis de estabilidad en diferentes ambientes en genotipos de yuca ( <i>Manihot esculenta</i> Crantz).....	15
6.2	Evaluación de dos métodos de estabilidad fenotípica a través de validación cruzada	17
6.3	Interacción genotipo por ambiente de siete variedades de papa en la zona papera de Chiriquí, Panamá.....	19
6.4	Análisis de la interacción soya-cepa ( <i>Bradyrhizobium japonicum</i> ) x ambiente, en oxisoles de la Orinoquia colombiana .....	21
6.5	Modelo de Finlay y Wilkinson vs. El modelo AMMI para analizar la interacción genotipo-ambiente en sorgo.....	25
6.6	Interacción genotipo x ambiente y análisis de estabilidad en genotipos de amaranto ( <i>Amaranthus spp.</i> ) .....	28
6.7	Interacción genotipo - ambiente para la estabilidad de rendimiento en trigo en la región de Mexicali, D.C., México .....	31
6.8	Selección de genotipos superiores de arroz a través de tres ambientes contrastantes de la República Dominicana .....	34
6.9	Interacción genotipo-ambiente en caña de azúcar mediante los modelos AMMI y regresión de sitios en Venezuela .....	36
6.10	Estabilidad fenotípica de una colección de fríjol andino ( <i>Phaseolus vulgaris</i> L.) tipo arbustivo .....	40
6.11	Modelación de la interacción genotipo X ambiente en rendimiento de híbridos de maíz blanco en ambientes múltiples. ....	42
7	MARCO CONCEPTUAL .....	48
7.1	Cultivos Anuales .....	48
7.2	Habichuela.....	48
7.3	Interacción genotipo x ambiente (GxA).....	48

7.4	Estabilidad y/o adaptabilidad .....	53
8	MATERIALES Y METODOS .....	54
8.1	Localización.....	54
8.1.1	Descripción de genotipos a evaluar en las P.E.A.S .....	55
8.2	Proceso de Mejoramiento genético .....	57
8.3	Diseño experimental .....	57
8.3.1	Parámetros evaluados .....	57
8.4	Modelo estadístico .....	58
8.4.1	Análisis de varianza.....	58
8.4.2	Modelo Eberhart y Rusell.....	60
8.4.3	Modelo de los Efectos Aditivos Principales e Interacciones Multiplicativas (Modelo AMMI).....	64
8.4.4	Grafico Biplot.....	67
8.5	Protocolo desarrollado en el trabajo que sirve como base para la selección de genotipos de plantas de ciclo anual.....	71
9	DESARROLLO Y RESULTADOS.....	73
9.1	Días a floración .....	73
9.2	Días de cosecha .....	76
9.3	Número de vainas por planta.....	78
9.4	Peso de 10 vainas.....	80
9.5	Rendimiento de vaina verde .....	81
9.6	Análisis plagas y enfermedades .....	86
9.6.1	Incidencia de mosca blanca .....	86
9.6.2	Incidencia de virosis .....	88
9.6.3	Incidencia de Antracnosis .....	89
9.6.4	Incidencia de Mildeo .....	90
9.7	Metodología Eberhart e Russell .....	91
9.7.1	Rendimiento .....	91
9.8	Modelo AMMI.....	95
9.8.1	Rendimiento .....	95
10	CONCLUSIONES .....	103
11	RECOMENDACIONES.....	105
12	BIBLIOGRAFÍA .....	106

## LISTA DE TABLAS

TABLA 1. CARACTERÍSTICAS DE LAS LOCALIDADES DONDE SE REALIZÓ LA PRUEBA DE EVALUACIÓN AGRONÓMICA DE MATERIALES DE HABICHUELA ( <i>PHASEOLUS VULGARIS</i> ) TIPO VOLUBLE, 2014. ....	54
TABLA 2. FORMA DE ANÁLISIS DE VARIANZA DE BLOQUES COMPLETOS AL AZAR. ....	59
TABLA 3. FORMA DE ANÁLISIS DE VARIANZA DE BLOQUES COMPLETOS AL AZAR COMBINADO SOBRE LOCALIDADES. ....	60
TABLA 4. ANÁLISIS DE VARIANZA UTILIZADO PARA ESTE MODELO DE EBERHART Y RUSSELL .....	61
TABLA 5. INTERPRETACIÓN DE LOS PARÁMETROS DE ESTABILIDAD POR LA METODOLOGÍA EBERHART Y RUSSELL. ....	63
TABLA 6. COMPARACIÓN DE MEDIAS PARA SEMESTRES, EN LAS P.E.A.S PARA DOS GENOTIPOS DE HABICHUELA Y UN TESTIGO COMERCIAL, REGIÓN DEL SUMAPAZ 2014. ....	73
TABLA 7. COMPARACIÓN DE MEDIAS PARA LOCALIDADES, EN LAS P.E.A.S PARA DOS GENOTIPOS DE HABICHUELA Y UN TESTIGO COMERCIAL, REGIÓN DEL SUMAPAZ 2014. ....	73
TABLA 8. COMPARACIÓN DE MEDIAS PARA GENOTIPOS, EN LAS P.E.A.S PARA DOS GENOTIPOS DE HABICHUELA Y UN TESTIGO COMERCIAL, REGIÓN DEL SUMAPAZ 2014. ....	74
TABLA 9. DÍAS DE FLORACIÓN PARA DOS GENOTIPOS DE HABICHUELA Y UN TESTIGO COMERCIAL EN SEIS AMBIENTES DE LA REGIÓN DEL SUMAPAZ 2014. ....	75
TABLA 10. DÍAS DE COSECHA PARA DOS GENOTIPOS DE HABICHUELA Y UN TESTIGO COMERCIAL EN SEIS AMBIENTES DE LA REGIÓN DEL SUMAPAZ 2014. ....	78
TABLA 11. NÚMERO DE VAINAS POR PLANTA PARA DOS GENOTIPOS DE HABICHUELA Y UN TESTIGO COMERCIAL EN SEIS AMBIENTES DE LA REGIÓN DEL SUMAPAZ 2014. ....	80
TABLA 12. PESO DE 10 VAINAS POR PLANTA PARA DOS GENOTIPOS DE HABICHUELA Y UN TESTIGO COMERCIAL EN SEIS AMBIENTES DE LA REGIÓN DEL SUMAPAZ 2014. ....	81
TABLA 13. RESULTADO DE LOS TRES GENOTIPOS, TRES LOCALIDADES Y DOS SEMESTRES ORDENADOS POR LA PRODUCCIÓN MEDIA. ....	84
TABLA 14. ANÁLISIS DE VARIANZA DE LOS ENSAYOS INDIVIDUALES EN TRES GENOTIPOS, TRES LOCALIDADES Y DOS SEMESTRES. ....	84
TABLA 15. COMPARACIÓN DE MEDIAS PARA SEMESTRES, EN LAS P.E.A.S PARA DOS GENOTIPOS DE HABICHUELA Y UN TESTIGO COMERCIAL, REGIÓN DEL SUMAPAZ 2014. ....	86
TABLA 16. COMPARACIÓN DE MEDIAS PARA LOCALIDADES, EN LAS P.E.A.S PARA DOS GENOTIPOS DE HABICHUELA Y UN TESTIGO COMERCIAL, REGIÓN DEL SUMAPAZ 2014. ....	87
TABLA 17. COMPARACIÓN DE MEDIAS PARA GENOTIPOS, EN LAS P.E.A.S PARA DOS GENOTIPOS DE HABICHUELA Y UN TESTIGO COMERCIAL, REGIÓN DEL SUMAPAZ 2014. ....	87
TABLA 18. RENDIMIENTO MEDIO DE TRES GENOTIPOS EN SEIS AMBIENTES. ....	91
TABLA 19. ANOVA PARA LA VARIABLE RENDIMIENTO DEL MODELO EBERHART E RUSSELL .....	92
TABLA 20. MEDIA DE LOS AMBIENTES E ÍNDICE AMBIENTAL. ....	92
TABLA 21. PARÁMETROS DE ESTABILIDAD ESTIMADOS PARA TRES GENOTIPOS RESPECTO AL RENDIMIENTO. ....	93
TABLA 22. RESULTADOS DEL ANÁLISIS DE LA VARIANCA CONJUNTA EL RENDIMIENTO (KG/PARCELA) PARA LOS 3 GENOTIPOS. ANOVA .....	95
TABLA 23. ANÁLISIS DE LA VARIANCA PARA LOS COMPONENTES PRINCIPALES .....	98
TABLA 24. APORTE DE LOS GENOTIPOS Y AMBIENTES EN LAS DOS PRIMERAS COMPONENTES PRINCIPALES, MÉTODO AMMI. ....	98

## LISTA DE FIGURAS

<i>FIGURA 1.</i> INTERACCIÓN SEMESTRE*LOCALIDAD PARA D.F PARA TRES GENOTIPOS DE HABICHUELA, REGIÓN DEL SUMAPAZ 2014.....	75
<i>FIGURA 2.</i> INTERACCIÓN SEMESTRE*LOCALIDAD PARA D.C EN TRES GENOTIPOS DE HABICHUELA, REGIÓN DEL SUMAPAZ 2014.....	77
<i>FIGURA 3.</i> INTERACCIÓN SEMESTRE*LOCALIDAD PARA VP EN TRES GENOTIPOS DE HABICHUELA, REGIÓN DEL SUMAPAZ 2014.....	79
<i>FIGURA 4.</i> INTERACCIÓN SEMESTRE*LOCALIDAD PARA P10V EN TRES GENOTIPOS DE HABICHUELA, REGIÓN DEL SUMAPAZ 2014.....	81
<i>FIGURA 5.</i> GRÁFICO DE MEDIAS DE RENDIMIENTO DE HABICHUELAS POR GENOTIPO.....	82
<i>FIGURA 6.</i> GRÁFICO DE MEDIAS DE RENDIMIENTO DE HABICHUELAS POR AMBIENTE. ....	82
<i>FIGURA 7.</i> GRÁFICO DE INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE VISUALIZADO POR AMBIENTE. ..	83
<i>FIGURA 8.</i> GRÁFICO DE INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE VISUALIZADO POR GENOTIPO....	83
<i>FIGURA 9.</i> INTERACCIÓN LOCALIDAD *GENOTIPO PARA INCIDENCIA DE MOSCA BLANCA EN TRES GENOTIPOS DE HABICHUELA, REGIÓN DEL SUMAPAZ 2014.....	88
<i>FIGURA 10.</i> INTERACCIÓN LOCALIDAD *GENOTIPO PARA INCIDENCIA DE VIROSIS EN TRES GENOTIPOS DE HABICHUELA, REGIÓN DEL SUMAPAZ .....	89
<i>FIGURA 11.</i> INTERACCIÓN SEMESTRE* LOCALIDAD PARA INCIDENCIA DE ANTRACNOSIS EN TRES GENOTIPOS DE HABICHUELA, REGIÓN DEL SUMAPAZ.....	90
<i>FIGURA 12.</i> INTERACCIÓN SEMESTRE* LOCALIDAD PARA INCIDENCIA DE MILDEO EN TRES GENOTIPOS DE HABICHUELA, REGIÓN DEL SUMAPAZ .....	91
<i>FIGURA 13.</i> LÍNEAS DE REGRESIÓN ENTRE RENDIMIENTO E ÍNDICES AMBIENTALES DE LOS GENOTIPOS CON BASE EN EL MODELO DE EBERHART Y RUSSELL (1966).....	95
<i>FIGURA 14.</i> BILOT DEL MODELO DE EFECTOS ADITIVOS E INTERACCIÓN MULTIPLICATIVA (AMMI-2) PARA RENDIMIENTO MEDIO DE DOS GENOTIPOS Y UN TESTIGO COMERCIAL EN SEIS LOCALIDADES, UBICADAS EN LA REGIÓN DEL SUMAPAZ 2014. (SOFTWARE R) .....	97
<i>FIGURA 15.</i> BILOT DEL MODELO DE EFECTOS ADITIVOS E INTERACCIÓN MULTIPLICATIVA (AMMI-2) PARA RENDIMIENTO MEDIO DE DOS GENOTIPOS Y UN TESTIGO COMERCIAL EN SEIS LOCALIDADES, UBICADAS EN LA REGIÓN DEL SUMAPAZ 2014.....	99
<i>FIGURA 16.</i> BILOT DEL MODELO DE EFECTOS ADITIVOS E INTERACCIÓN MULTIPLICATIVA (AMMI-1) PARA RENDIMIENTO MEDIO DE DOS GENOTIPOS Y UN TESTIGO COMERCIAL EN SEIS LOCALIDADES, UBICADAS EN LA REGIÓN DEL SUMAPAZ 2014.....	101



## LISTA DE CUADROS

CUADRO 1. ANÁLISIS CRÍTICO DEL ARTÍCULO EVALUACIÓN DE MÉTODOS PARA ANÁLISIS DE ESTABILIDAD EN DIFERENTES AMBIENTES EN GENOTIPOS DE YUCA ( <i>MANIHOT ESCULENTA</i> CRANTZ).....	16
CUADRO 2. ANÁLISIS CRÍTICO DEL ARTÍCULO EVALUACIÓN DE DOS MÉTODOS DE ESTABILIDAD FENOTÍPICA A TRAVÉS DE VALIDACIÓN CRUZADA .....	18
CUADRO 3. ANÁLISIS CRÍTICO DEL ARTÍCULO INTERACCIÓN GENOTIPO POR AMBIENTE DE SIETE VARIEDADES DE PAPA EN LA ZONA PAPERERA DE CHIRIQUÍ, PANAMÁ. ....	20
CUADRO 4. ANÁLISIS CRÍTICO DEL ARTÍCULO ANÁLISIS DE LA INTERACCIÓN SOYA-CEPA ( <i>BRADYRHIZOBIUM JAPONICUM</i> ) X AMBIENTE, EN OXISOLES DE LA ORINOQUIA COLOMBIANA.....	24
CUADRO 5. ANÁLISIS CRÍTICO DEL ARTÍCULO MODELO DE FINLAY Y WILKINSON VS. EL MODELO AMMI PARA ANALIZAR LA INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE EN SORGO ....	27
CUADRO 6. ANÁLISIS CRÍTICO DEL ARTÍCULO INTERACCIÓN GENOTIPO X AMBIENTE Y ANÁLISIS DE ESTABILIDAD EN GENOTIPOS DE AMARANTO ( <i>AMARANTHUS SPP</i> ).....	30
CUADRO 7. ANÁLISIS CRÍTICO DEL ARTÍCULO INTERACCIÓN GENOTIPO - AMBIENTE PARA LA ESTABILIDAD DE RENDIMIENTO EN TRIGO EN LA REGIÓN DE MEXICALI, B.C., MÉXICO ..	33
CUADRO 8. ANÁLISIS CRÍTICO DEL ARTÍCULO SELECCIÓN DE GENOTIPOS SUPERIORES DE ARROZ A TRAVÉS DE TRES AMBIENTES CONTRASTANTES DE LA REPÚBLICA DOMINICANA. ....	36
CUADRO 9. ANÁLISIS CRÍTICO DEL ARTÍCULO INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE EN CAÑA DE AZÚCAR MEDIANTE LOS MODELOS AMMI Y REGRESIÓN DE SITIOS EN VENEZUELA. ....	39
CUADRO 10. ANÁLISIS CRÍTICO DEL ARTÍCULO ESTABILIDAD FENOTÍPICA DE UNA COLECCIÓN DE FRÍJOL ANDINO ( <i>PHASEOLUS VULGARIS</i> L.) TIPO ARBUSTIVO. ....	41

## 2 RESUMEN

Las pruebas de Evaluación Agronómica de genotipos de habichuela (*Phaseolus vulgaris*) tipo voluble se realizaron durante el año 2014, en tres regiones representativas de la región del Sumapaz Guavio Bajo, Fusagasugá (L1); Guchipas, Pasca (L2) y Arabia, Arbeláez (L3) en dos épocas/semestres (S1, S2). Se evaluaron dos líneas avanzadas seleccionadas de un grupo de líneas tolerantes a antracnosis suministradas por el Programa de frijol del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) y del cual después de seis semestres se seleccionaron por tolerancia a antracnosis, rendimiento y calidad de vaina. Se incluyó como testigo comercial el cultivar Blue lake, el cual es el material más sembrado en la región del Sumapaz. Los tres diferentes genotipos de habichuelas (BL, LE138, LE140) fueron sembrados en seis ambientes diferentes (L1S1, L1S2, L2S1, L2S2, L3S1, L3S2) correspondientes a la combinación de tres localidades.

Las variables evaluadas fueron Días 50% de floración, Días a cosecha, Número de vainas por planta, Peso de 10 vainas, Rendimiento, Incidencia de Mildeo Polvoso (*Erysiphe polygoni*), Incidencia de Antracnosis (*Colletotrichum lindemuthianum*), %de mosca blanca. Para la variable rendimiento se estudió la adaptabilidad y estabilidad fenotípica de los tres genotipos evaluados comparando las metodologías de Eberhart y Russell (1966) y el modelo AMMI.

Con el método de Eberhart y Russell (1966) se hallaron los parámetros de adaptabilidad y estabilidad que permitieron identificar que todos los genotipos presentan un coeficiente de regresión ( $\beta_i$ ) que difieren de 1. Esto permitió determinar que los genotipos LE138 y LE140 son buenos y se adaptan a ambientes favorables que en este caso son Fusagasugá primer y segundo semestre (L1S1, L1S2), Pasca primer y segundo semestre (L2S1, L2S2), por ultimo Arbeláez segundo semestre (L3S2). Ahora el testigo comercial (BL) presenta resistencia a cambios ambientales, lo cual es recomendable para ambientes de bajo potencial o con algún tipo de estrés, en este estudio fué Arbeláez primer semestre (L3S1). Así mismo es importante mencionar que todos los genotipos presentan mala estabilidad son inconsistentes en su rendimiento. El modelo AMMI arrojó resultados similares a la metodología Eberhart y Russell pero proporcionó más información sobre la interacción genotipo ambiente y discriminó de manera detallada los genotipos en cada uno de los ambientes.

Por último se presenta el grafico Biplot el cual muestra tres sectores (mega ambientes) en los cuales se puede evidenciar que el genotipo con mayor rendimiento en el sector que contiene los ambientes L1S2, L2S2 y L1S1 es LE140, para otro sector formado por L3S1 y L3S2 es el testigo comercial BL. Por último el genotipo LE138 presenta su mayor rendimiento en el ambiente L2S1.

### 3 JUSTIFICACIÓN

La provincia del Sumapaz en Cundinamarca se caracteriza por ser una zona agropecuaria por excelencia, por lo que desde hace más de 40 años el cultivo de habichuela se ha constituido como una de las principales alternativas de los productores de la región. Este cultivo se ve afectado por plagas y enfermedades, por lo que los productores tienen que realizar múltiples aplicaciones de agroquímicos para controlarlas, a raíz de esta situación la Universidad de Cundinamarca a través de la Dirección de Investigación está ejecutando un proyecto con la finalidad de obtener una variedad mejorada de habichuela que además de presentar rendimientos altos de vaina verde muestre tolerancia a los problemas de plagas y enfermedades (Celis, 2015).

Para realizar selección de materiales de habichuela basada en los rendimientos de los genotipos en determinados ambientes, se requiere realizar muchas repeticiones de los ensayos que se hacen en campo. Para facilitar la selección de genotipos y para disminuir costos al reducir repeticiones en campo se hace necesario el planteamiento de una metodología que permita realizar la estimación de la variabilidad en los rendimientos que tienen los genotipos en los diferentes ambientes de un cultivo determinado. Esto se realizará mediante diferentes modelos estadísticos, basados en la interacción genotipo- ambiente, que requiere pocas repeticiones y pueden ser realizadas en tiempos más cortos.

Por lo anterior, una de las finalidades del trabajo es mostrar de manera detallada la efectividad del modelo AMMI (Efectos principales aditivos e interacción multiplicativa) propuesto por (Zobel, 1990) frente a diversos métodos estadísticos; pues no sólo permite estimar estabilidad, sino, también evaluar localidades y como consecuencia clasificar los ambientes (Crossa *et al.*, 1990). Este modelo ha demostrado ser más eficiente que otras técnicas tradicionales de análisis donde es imprescindible discernir en detalle sobre las características de la interacción  $G * A$  (Zobel *et al.*, 1988; Nachit *et al.*, 1992; Yan, 1995; Yan *et al.*, 2000).

#### **4 PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA**

El cultivo de habichuela (*Phaseolus vulgaris* L.) en Colombia se ha afianzado como una alternativa importante para los productores de las regiones de ladera debido a la demanda de esta hortaliza por su contenido nutricional y porque presenta precios relativamente estables para el consumidor

Una de las principales dificultades que encuentran los productores es encontrar semillas de alta calidad para sus cultivos, puesto que la habichuela durante su etapa de desarrollo y crecimiento puede ser afectada por más de 20 enfermedades causadas por hongos, bacterias, virus y nematodos; diseminados de acuerdo a las condiciones ambientales características del sistema de producción practicado en cada región en que se siembra (Velásquez y Prada, 1992).

Teniendo en cuenta lo anterior, en el área de fitomejoramiento de cultivos unos de los principales componentes de estudio es la necesidad que existe de encontrar genotipos que muestren estabilidad en muchos ambientes y así poder encontrar variedades e híbridos, con alta estabilidad y respuesta fenotípica que permita minimizar las pérdidas en las diferentes siembras.

En la década de 1970 para poder estimar el rendimiento de un genotipo en un ambiente en particular era necesario realizar muchas repeticiones en los ensayos que se realizaban en campo, lo cual resultaba muy costoso y demandaba mucho tiempo (método tradicional o convencional). Es por esto que se hace necesario el planteamiento de una metodología que permita realizar la estimación de la variabilidad en el rendimiento que tiene un genotipo en los diferentes ambientes de un cultivo determinado, mediante diferentes modelos estadísticos, basados en la interacción genotipo- ambiente, que requiera pocas repeticiones y puedan ser realizadas en tiempos más cortos.

## **5 OBJETIVOS**

### **5.1 OBJETIVO GENERAL**

Aplicar el modelo estadístico AMMI (Método de los efectos aditivos principales e interacciones multiplicativas) como método de selección en Mejoramiento de plantas de cultivos anuales.

### **5.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

- ✓ Comparar el modelo tradicional de Eberhart y Russel con el modelo AMMI (Método de los efectos aditivos principales e interacciones multiplicativas) utilizando datos reales de campo con tres genotipos de habichuela en la región del Sumapaz.
- ✓ Analizar la adaptabilidad y estabilidad del rendimiento para dos genotipos de habichuela y un testigo comercial, región del Sumapaz 2014.
- ✓ Definir un protocolo del uso del modelo AMMI como una herramienta de selección de genotipos de plantas de ciclo anual.

## 6 ANTECEDENTES Y REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

A continuación se presenta un compendio de artículos especializados, enmarcados en las temáticas que se utilizarán en el desarrollo de esta investigación, las cuales están organizadas cronológicamente del más antiguo al más reciente.

### 6.1 Evaluación de métodos para análisis de estabilidad en diferentes ambientes en genotipos de yuca (*Manihot esculenta* Crantz)

#### **Autor:**

Guilherme Paulo Damba, Tesis, presentada como requisito parcial para optar el grado de maestría en ciencias con énfasis en Fitomejoramiento de *plantas*

#### **Director**

*Hernán Ceballos Lascano, PhD.*

#### **Codirector**

Juan Carlos Pérez Velásquez, PhD.  
Universidad Nacional de Colombia  
Facultad de ciencias agrarias sede Palmira 2008

#### **Objetivo:**

El objetivo de este trabajo fue evaluar y comparar diferentes métodos de análisis de estabilidad fenotípica, utilizados para los estudios de interacción genotipo por ambiente (IGA), en yuca y determinar el método que permita discriminar mejor entre genotipos y ambientes.

#### **Resumen:**

Para esta investigación se utilizaron 30 clones de yuca (*Manihot esculenta* Crantz), 24 clones experimentales y 6 comerciales, que fueron evaluados en 12 localidades en la región Caribe Colombiana durante los ciclos 2005-2006 y 2006-2007. Las variables estudiadas fueron altura de planta, rendimiento de raíces frescas, follaje y de materia seca, índice de cosecha y

contenido de materia seca. Para la evaluación de los clones se utilizó el diseño experimental de bloques completos al azar con tres repeticiones por localidad.

El autor llegó a la conclusión de que el método de Eberhart y Russell permitió identificar genotipos de buena estabilidad para el rendimiento de raíces frescas y rendimiento de materia seca con promedios superiores al promedio general como los clones SM 2546-32, SM 2629-36, SM 2775-2, SM 1411-5 y el clon comercial Corpoica TAI con un rendimiento promedio por encima de las 29.0 t/ha, superior en 8.6% al promedio general. De igual forma el análisis AMMI fue importante para la identificación de grupos de ambientes de igual respuesta, ambientes que permiten mejor discriminación del potencial genético entre genotipos y ambientes correlacionados negativamente. Para las variables estudiadas los efectos del ambiente fueron más importantes para explicar la variación observada con excepción del contenido de materia seca que presentó una menor contribución. Por último el método de Binns y Lin se mostró práctico y simple en su aplicación en la identificación de genotipos de alto productividad, presentando el índice de superioridad asociación negativa con el coeficiente de regresión del método de Eberhart y Russell para la variable rendimiento de raíces frescas, lo cual es deseable teniendo en cuenta que genotipos con valores para el IS más bajos y valores para el  $b_i$  iguales o mayores a 1.0, sería los más cercanos al óptimo.

Con lo anterior se llegó a la conclusión que modelo AMMI suministra información adicional, que permite agrupar ambientes de igual respuesta lo cual es útil para la selección de localidades claves de selección y evaluación en programas de mejoramiento.

**Cuadro 1.** Análisis crítico del artículo Evaluación de métodos para análisis de estabilidad en diferentes ambientes en genotipos de yuca (*Manihot esculenta* Crantz)

<b>MODELO PRESENTADO EN EL ARTÍCULO</b>	<b>MODELO PROPUESTO EN ESTE TRABAJO DE INVESTIGACIÓN</b>
Para las 12 localidades de evaluación se realizó un análisis de varianza por localidad y combinado a través de todos ambientes para las variables rendimiento de raíces frescas, rendimiento de follaje, contenido y	Se evaluarán tres ambientes separados por semestre y se realizará análisis de varianza por localidad y combinado a través de todos ambientes para las variables rendimiento. Además se realizó estadística descriptiva



<p>rendimiento de materia seca e índice de cosecha.</p> <p>Las variables evaluadas fueron:</p> <p>Altura de planta (cm), Rendimiento de raíces frescas en (t/ha), Rendimiento de follaje (t/ha), Contenido de materia seca (%), Rendimiento de materia seca en (t/ha) e Índice de cosecha (IC).</p> <p>Para la estabilidad se usaron los métodos propuestos por Eberhart y Russell, Lin y Binns y el modelo AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction Analysis). También, se hizo una comparación de parámetros de estabilidad usando correlación de rango de Kendall.</p>	<p>para días de floración, días de cosecha, número de vainas por planta, las variables, peso de 10 vainas, además de las enfermedades porcentaje de Mosca blanca, Virosis, Antracnosis y Mildeo polvoso.</p> <p>Para la estabilidad se usaron los métodos propuestos por Eberhart y Russell y el modelo AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction Analysis) y se utilizó el Biplot derivado del modelo AMMI para seleccionar Genotipos en ensayos replicados de campo en el Mejoramiento de plantas.</p>
---	---

## 6.2 Evaluación de dos métodos de estabilidad fenotípica a través de validación cruzada

### **Autores:**

Jairo Alberto Rueda Restrepo

José Miguel Cotes Torres

Profesores Asistentes. Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín. Facultad de Ciencias Agropecuarias. A.A. 1779. Medellín, Colombia.

### **Fecha de publicación**

2009

## Resumen

En este trabajo se compara el método de regresión propuesto por Eberhart y Russell y el de componentes de varianza propuesto por Shukla, siguiendo un esquema de validación cruzada. Para ello fueron utilizados datos provenientes de 20 pruebas multiambiente de maíz, cada una con nueve genotipos, plantadas bajo un diseño en bloques completos al azar con cuatro repeticiones. Se encontró que el mejor modelo para predecir el rendimiento futuro de un genotipo en un determinado ambiente es el método de Eberhart y Russell, presentando un valor de raíz cuadrada del cuadrado medio de predicción 2,21% menos que el método de Shukla, con una consistencia en la predicción de 90,6%.

Existen diferentes metodologías de análisis de estabilidad fenotípica entre ellas los métodos propuestos por Finlay y Wilkinson (1963) y el mejorado por Eberhart y Russell (1966), los cuales se basan en el análisis de regresión lineal, que mide la respuesta de cada genotipo con las variaciones ambientales. Además encontraron que la metodología de Eberhart y Russell, fue más precisa que la de Shukla, lo cual fortalece la preferencia del modelo de Eberhart y Russell frente al modelo de Shukla.

**Cuadro 2.** Análisis crítico del artículo Evaluación de dos métodos de estabilidad fenotípica a través de validación cruzada

<i><b>MODELO PRESENTADO EN EL ARTÍCULO</b></i>	<i><b>MODELO PROPUESTO EN ESTE TRABAJO DE INVESTIGACIÓN</b></i>
La metodología de Eberhart y Russell, y la propuesta por Shukla, tienen mayores valores de RDPMS que los presentados por los modelos que consideran efectos multiplicativos, confirmando la tendencia actual de los mejoradores de plantas a utilizar modelos multiplicativos seguidos de análisis de “biplot”	Se realizara modelos AMMI (“Additive Main and Multiplicative Interaction”) y Biplot para compararla con la metodología Eberhart y Russell y así comprobar si efectivamente los modelos que presentan interacción multiplicativa son más eficientes para la selección de plantas de ciclo anual

--	--

### **6.3 Interacción genotipo por ambiente de siete variedades de papa en la zona papera de Chiriquí, Panamá.**

#### **Autores**

**A. Gutiérrez-Gutiérrez**

**J. Muñoz**

Estación Experimental de Cerro Punta. Instituto de Investigación Agropecuaria de Panamá (IDIAP).

#### **Fecha de publicación**

Revista Latinoamericana de la Papa. (2009). 15(1): 12-19. Volumen 8 • Número 2 • Páginas 226-243

#### **Objetivo**

Evaluar de la adaptabilidad y estabilidad del rendimiento, la calidad de la producción y otras características de clones y variedades de papa generadas por el INIA de Chile, en la búsqueda de variedades alternativos para los productores de papa en Panamá.

#### **Resumen**

El estudio se realizó en el corregimiento de Cerro Punta, provincia de Chiriquí, entre 2005 y 2007 y tuvo como objetivo seleccionar variedades de papa con alto potencial de rendimiento, tolerancia a las principales plagas y aptitud para procesamiento y/o consumo fresco. Se evaluaron seis variedades de papa generados por el Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA) de Chile. Como control se utilizó la variedad Granola. Los datos fueron procesados utilizando el modelo AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction), evidenciando un comportamiento diferencial entre los genotipos. Las variedades

Pehuenche-INIA y Karú-INIA presentaron el mayor rendimiento y estabilidad, con alto valor del Componente Principal 1 (PCA1) y valores de Componente Principal 2 (PCA2) más cercanos a cero. Pehuenche-INIA presentó un alto contenido de sólidos en los tubérculos, siendo los mismos de un tamaño menor al promedio, mientras que Karu-INIA y R-91015-20 sobresalen por un mayor tamaño de tubérculos.

## **Materiales y métodos**

En este estudio se incluyeron seis variedades (Karu-INIA, Pehuenche-INIA, Ona-INIA, R-91015-20, R-89054-3 y R-91193-1) que presentaron características morfológicas del tubérculo aceptables para consumidores; también se incluyó la variedad Granola para efectos comparativos. La investigación se realizó entre 2005 y 2007, en siete sitios o localidades (fincas de productores), con microclimas diferenciados considerados como ambientes en este estudio - ubicadas en el Corregimiento de Cerro Punta, principal área papera de Panamá.

Se evaluó el peso promedio de los tubérculos y el rendimiento total (todos los tubérculos con un diámetro superior a los 35 mm), transformados a toneladas por hectárea ( $t \cdot ha^{-1}$ ). Se realizó el análisis de varianza combinado para el peso promedio de los tubérculos y se calculó el contenido de sólidos totales en los tubérculos mediante el uso de un hidrómetro.

Para los datos del rendimiento, se llevó a cabo un análisis de varianza por localidad y el combinado para el conjunto, como paso previo al análisis de la estabilidad según el modelo AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction). En este caso no se realizó la prueba de homogeneidad de la varianza del error ya que no es restrictivo para este modelo, que genera los componentes principales (PC) tomando en cuenta las medias de cada genotipo en las localidades evaluadas sin considerar las repeticiones (Crossa, 1990; Zobel et al., 1988). Para el análisis combinado se consideró a los genotipos como un efecto fijo y a los ambientes como efecto aleatorio, utilizándose los procedimientos PROC GLM del programa SAS.

**Cuadro 3.** Análisis crítico del artículo Interacción genotipo por ambiente de siete variedades de papa en la zona papera de Chiriquí, Panamá.

<b>MODELO PRESENTADO EN EL ARTÍCULO</b>	<b>MODELO PROPUESTO EN ESTE TRABAJO DE INVESTIGACIÓN</b>
Para el rendimiento, se llevó a cabo un análisis de varianza por localidad y el combinado para el conjunto, como paso previo al análisis de la estabilidad según el modelo AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction). En este caso no se realizó la prueba de homogeneidad de la varianza del error ya que no es restrictivo para este modelo, que genera los componentes principales (PC) tomando en cuenta las medias de cada genotipo en las localidades evaluadas sin considerar las repeticiones (Crossa, 1990; Zobel et al., 1988). Para el análisis combinado se consideró a los genotipos como un efecto fijo y a los ambientes como efecto aleatorio, utilizándose los procedimientos PROC GLM del programa SAS.	<p>Los experimentos se realizaron durante dos semestres.</p> <p>En este proyecto se realizara además del modelo AMMI la metodología de Eberhart y Russell (1966).</p> <p>Presentan Representación gráfica (Biplot) de la asociación de los genotipos con los ambientes particulares respecto a los dos primeros ejes de componentes principales del análisis AMMI para una variable, lo cual es útil para esta investigación</p>

#### **6.4 Análisis de la interacción soya-cepa (*Bradyrhizobium japonicum*) x ambiente, en oxisoles de la Orinoquia colombiana**

##### **Autores:**

Rubén A. Valencia R.

Centro de Investigación La Libertad, Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (Corpoica). Villavicencio (Colombia).

Gustavo Ligarreto M.

Departamento de Agronomía, Facultad de Agronomía, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá (Colombia).

**Fecha de publicación:**

2010

**Objetivo.**

Determinar la interacción existente entre variedades de soya, cepas del genero *Bradyrhizobium japonicum* y el ambiente, en oxisoles de la Orinoquia colombiana, para potenciar el efecto de la fijación biológica del nitrógeno (FBN), en la productividad del cultivo.

**Resumen.**

Los autores utilizaron para este estudio de la interacción variedad-cepa-ambiente para la variable rendimiento de grano los modelos AMMI (*Additive Main effects and multiplicative interaction*) y SREG (*Sites regression*) utilizando los respectivos Biplot los cuales sirvieron para las localidades más discriminantes y representativas. Además evaluaron las variedades Soyica P-34, Orinoquia 3, C. Libertad 4, C. Taluma 5, C. Superior 6 y C. Sabana 7, con las cepas de *B. japonicum* ICAJ-01, J-96, J-98, mezcla de J-01+J-96 y un control con fertilización con nitrógeno de 150 Kg h<sup>-1</sup>, en ocho de la Orinoquia. Llegaron a la conclusión que el rendimiento de grano vario a través de los ambientes, y estuvo influenciado por el tipo de cepa y variedad de soya.

Este estudio fue en los años 2007 y 2008, en oxisoles de la Orinoquia colombiana, en latitudes entre 04.03' N; 73.29' W. Las Localidades fueron identificadas como Lib, Centro de Investigación La Libertad (subregión Piedemonte) y Tal, Estación Experimental Taluma (subregión Altillanura) de la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria - Corpoica. Cada localidad fue evaluada durante tres semestres (A y B), para un total de 6 ambientes más las localidades Scrüz (finca Santa Cruz) y Hor (finca Hortensias) ambas de subregión Altillanura, para un total de 8 ambientes.

Realizaron cálculos acumulados o promedios de cada 4 de los datos climatológicos desde el día de la siembra hasta la cosecha. La evapotranspiración potencial (ETP) diaria fue estimada

mediante el *software* Daily ver 3 (Granfield University, UK), con base en datos de temperatura mínima y máxima, viento, humedad relativa y brillo solar. De igual forma realizaron análisis fisicoquímicos de suelos por localidad. Se determinó la resistencia a la penetración de raíces, medida con un penetraógrafo modelo DIK-5520 (DAIKI Rika Kogyo, Tokio).

La siembra se realizó siguiendo las recomendaciones técnicas generadas por Corpoica para el cultivo de soya.

Variedades de soya. Las variedades usadas fueron Soyica P-34, Corpoica Superior-6, Corpoica Libertad 4, Corpoica Taluma 5, Corpoica Sabana 7 y Orinoquia 3. Estas variedades desarrolladas por el Instituto Colombiano Agropecuario – ICA y la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – Corpoica, son descritas ampliamente por Valencia *et al.* (2006).

Para determinar la eficiencia simbiótica relativa de las cepas en estudio, se incluyó un control absoluto sin inoculación con la aplicación de nitrógeno a  $150 \text{ kg ha}^{-1}$ . El nivel de cepa de rizobio fue establecido según estudios de Sánchez *et al.* (1991), realizados en oxisoles de la Orinoquia colombiana, utilizando como fuente la urea, y fraccionado en dos aplicaciones a los 15 y 30 d después de la siembra.

Es importante mencionar el diseño experimental en el cual los tratamientos se distribuyeron en un diseño de franjas divididas en dos factores y en cuatro repeticiones por localidad. El factor A (variedad) y el factor B (cepa de rizobio o N), en distribución aleatoria para conformar bloques de 6 x 5 franjas. Las unidades experimentales fueron conformadas por parcelas de 8 surcos, separados a 40 cm y una distancia de 5 cm entre plantas. Este diseño permitió evaluar los efectos individuales de variedades de cepas y, adicionalmente, la interacción variedad x cepa. Análisis estadístico de la interacción genotipo-cepa ambiente. La información registrada de rendimiento de grano fue procesada con el programa de estadística SAS versión 8 (SAS, 2003). Las medias fueron ajustadas utilizando el procedimiento LSMEANS. Para realizar el análisis multivariado de la interacción de variedades, cepas y ambientes, se conformaron tratamientos a partir de la combinación de variedades por cepas-N, para un total de 30 tratamientos (Vc), con efectos principales Vc y

de ambientes (A) e interacción VcA. El análisis combinado de varianza permitió determinar la significancia estadística de la interacción Vc x A.

El modelo AMMI utilizado en este artículo fue:

$$Y_{ge} = \mu + \alpha_g + \beta_e + \sum_{k=1}^n \lambda \gamma_{gn} \delta_{en} + \rho_{ge}$$

#### **Análisis crítico del artículo.**

**Cuadro 4.** Análisis crítico del artículo Análisis de la interacción soya-cepa (*Bradyrhizobium japonicum*) x ambiente, en oxisoles de la Orinoquia colombiana

<b>MODELO PRESENTADO EN EL ARTÍCULO</b>	<b>MODELO PROPUESTO EN ESTE TRABAJO DE INVESTIGACIÓN</b>
<p>Cada localidad fue evaluada durante tres semestres (A y B), para un total de 6 ambientes más las localidades Scrüz (finca Santa Cruz) y Hor (finca Hortensias) ambas de subregión Altillanura, para un total de 8 ambientes.</p> <p>Los estudios de interacción genotipo-ambiente fueron realizados mediante los modelos AMMI (<i>Additive Main effects and Multiplicative Interaction</i>) y SREG (<i>Sites Regression Model</i>), utilizando el programa SAS</p>	<p>Cada localidad fue evaluada durante dos semestres (S1 y S2), para un total de 6 ambientes.</p> <p>Se utilizara la metodología Eberhart y Russel y el modelo AMMI identificación de ambientes más representativos y como método de selección en Mejoramiento de plantas de cultivos anuales.</p>



Con el modelo SREG se realizaron los análisis de estabilidad fenotípica e identificación de ambientes más discriminatorios y representativos	
--	--

## **Criterio de búsqueda**

Google académico

"interacción" y "AMMI" y "Colombia"

<http://www.scielo.org.co/pdf/agc/v28n3/v28n3a02.pdf>

## **6.5 Modelo de Finlay y Wilkinson vs. El modelo AMMI para analizar la interacción genotipo-ambiente en sorgo**

### **Autores**

Héctor Williams Alanís

Francisco Zavala García

Facultad de Agronomía, Universidad Autónoma de Nuevo León. Carr. Zazua-Marín, km 17.5. 66700, Marín, N.L., México.

Víctor Pecina Quintero

Josué Gámez Vázquez

Salvador Montes Hernández

Campo Experimental Bajío, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias (INIFAP). Apdo. Postal 112. 38010, Celaya, Gto., México.

Noé Montes García

Miguel A. García Gracia

Campo Experimental Río Bravo, INIFAP. Apdo. Postal 172. 88900, Río Bravo, Tam., México.

Gerardo Arcos Cavazos

Campo Experimental Sur de Tamaulipas, INIFAP. Carr. Tampico-Cd. Mante km. 55. Apdo. Postal C-1 Suc. Aeropuerto. 89339 Tampico, Tam., México.

Leticia Alcalá Salinas

Delegación Tamaulipas, Secretaria de Agricultura (SAGARPA). Aluminio y 5 de Mayo. 87600, San Fernando, Tam., México.

**Fecha de publicación:**

2010

**Objetivo.**

Comparar el modelo de Finlay y Wilkinson *vs* el modelo AMMI para analizar la interacción genotipo-ambiente de híbridos de sorgo y así evaluar el rendimiento de grano y la estabilidad de los genotipos.

**Resumen.**

El noreste de México es la región más productora de sorgo (*Sorghum bicolor* L. Moench) del país, donde se siembran anualmente más de un millón de hectáreas (66 % de la superficie total). En la región se utilizan híbridos de alto potencial de rendimiento, en riego y temporal (secano), los cuales presentan una respuesta diferencial a las diversas condiciones edafoclimáticas de la región. Es necesario entonces disponer de genotipos con altos rendimientos y estables.

Los autores utilizaron análisis de varianza combinado donde encontraron diferencial al ( $P \leq 0.01$ ) entre ambientes y genotipos, y efectos de la interacción  $G \times A$ , lo que significa que los híbridos respondieron de manera diferencial a la variación ambiental. La suma de cuadrados de ambientes explicó 61 % de la variación total, lo que confirma una fuerte variación en las condiciones climáticas y edáficas, entre ambientes.

Para el análisis de interacción genotipo ambiente utilizaron regresión de Finlay y Wilkinson (1963) (regresión conjunta, regresión debida a los genotipos y la regresión debida a ambientes) encontrando que no fue el método más apropiado para caracterizar los genotipos, ya que la variación debida a estas fuentes sólo explicó 14 % de la varianza debida a la interacción ( $G \times A$ ) con 9 % de los grados de libertad (Shukla, 1972). Además, la regresión conjunta resultó no significativa ya que sólo explicó 0.3 % de la varianza de dicha interacción. La fracción residual de la interacción  $G \times A$  fue significativa ( $P \leq 0.01$ ), lo que confirma que el modelo de regresión no es apropiado para describir el comportamiento de los genotipos en estudio, ya que no reduce la varianza y la suma de cuadrados de esta fracción

representa 86 % de la interacción. Por su parte el modelo AMMI permitió analizar con detalle la interacción G x A, esencial en la evaluación del rendimiento de grano de cualquier cultivo, carácter para el cual esa interacción es agronómicamente importante (Crossa *et al.*, 1990; Gauch y Zobel, 1996), lo que hace más eficiente el proceso de selección de genotipos para una región en particular.

#### **Análisis crítico del artículo.**

**Cuadro 5.** Análisis crítico del artículo Modelo de Finlay y Wilkinson vs. El modelo AMMI para analizar la interacción genotipo-ambiente en sorgo

<b><i>MODELO PRESENTADO EN EL ARTÍCULO</i></b>	<b><i>MODELO PROPUESTO EN ESTE TRABAJO DE INVESTIGACIÓN</i></b>
<p>La variable analizada fue el rendimiento de grano (kg ha<sup>-1</sup>).</p> <p>Aplicaron el análisis propuesto por Finlay y Wilkinson (1963) y el modelo AMMI.</p>	<p>Además de la variable rendimiento se estudia días de floración, días de cosecha, número de vainas por planta, las variables, peso de 10 vainas, además de las enfermedades porcentaje de Mosca blanca, Virosis, Antracnosis y Mildeo polvoso.</p> <p>Se aplicara igualmente el método AMMI, pero como método de regresión se utilizara la Eberhart y Russell (1966)</p>

#### **Criterio de búsqueda**

Google académico

"AMMI" Y "FINLAY"

## **6.6 Interacción genotipo x ambiente y análisis de estabilidad en genotipos de amaranto (*Amaranthus spp.*)**

### **Autores.**

García-Pereyra J,  
Profesor Investigador. Instituto Tecnológico del Valle de Guadiana, Durango, México.

CGS Valdés-Lozano,  
Profesor Investigador. División de Estudios de Posgrado, Facultad de Agronomía de la Universidad Autónoma de Nuevo León. Marín, N. L

G Alexandre-Iturbide  
I Villanueva Fierro  
Profesor Investigador. Instituto Politécnico Nacional CIIDIR-Unidad Durango

OG Alvarado Gómez<sup>4</sup>  
Profesor investigador de la Facultad de Agronomía de la Universidad Autónoma de Nuevo León,

### **Fecha de publicación:**

Revista internacional de botánica experimental, 2011

### **Objetivo.**

1. Determinar la existencia o no de la interacción G x A x C (genotipos x ambientes x densidades) y su efecto en el rendimiento de grano y de forraje seco en cinco genotipos de amaranto sembrados en tres ambientes del norte de México.
2. Detectar genotipos estables usando análisis de estabilidad mediante la metodología propuesta por Eberhart y Russell.

### **Resumen**

Los autores realizaron la investigación debido a que el amaranto es un potencial cultivo alternativo en el norte de México, el cual tiene un alto valor nutricional como grano y forraje (García *et al.*, 2009), el cual el rendimiento de los mismos depende de las condiciones ambientales y las localidades donde se siembre (Alejandre y Lorence, 1986). Además en la revisión de antecedentes encontraron que para maximizar el rendimiento de grano se deben emplear espaciamientos de 10 a 50 cm entre plantas, y de 80 cm entre surcos (Kauffman y Weber, 1990). Siembras bajo densidades de población superiores a 125000 plantas/ha obtienen menores rendimientos de grano, pero mayor rendimiento de forraje seco, dependiendo de los tipos de genotipos usados (García *et al.*, 2001). La utilización de altas densidades de siembra disminuye el rendimiento de grano por hectárea, pero se produce un menor acame por reducción del peso de la planta (Henderson *et al.*, 2000). En condiciones de campo se pueden seleccionar genotipos sobresalientes para RG y FS, que se comporten bien en un amplio rango de ambientes. Sin embargo, se dificulta su identificación cuando existe interacción genotipo x ambiente (G x A), ya que ésta reduce el progreso en la selección y complica la identificación de genotipos superiores (Rea y Vieira, 2000). La cuantificación del valor promedio de un carácter resulta insuficiente para definir el comportamiento del material en estudio, por lo que se tienen que determinar otras variantes de estabilidad para distinguir diferencias genéticas ó ambientales entre genotipos (Basford y Cooper, 1998). García *et al.*, (2001) utilizaron un análisis de varianza en dos ambientes para cinco genotipos de amaranto sembrados en el norte de México y encontraron interacción en G x A. Esto se debió principalmente a la diferencia de clima y suelo en los dos ambientes de estudio.

En esta investigación utilizaron cinco genotipos de amaranto, cuatro de la especie *A. hypochondriacus* 153-5-3, 655, 653 y Criollo Tlaxcala, y un genotipo de la especie *A. cruentus* 33, utilizando como diseño experimental bloques completos al azar con dos repeticiones con arreglo factorial en parcelas divididas en espacio y tiempo; en la parcela principal se ubicaron los genotipos como factor A, y en la subparcela las densidades de población como factor B, con niveles de 18666; 31250; 41666; 62500 y 125000 plantas/ha. Los tratamientos se ubicaron en unidades experimentales de cuatro metros de ancho por seis metros de largo con cuatro surcos espaciados 0,80 m entre ellos.

La cosecha de grano y de forraje seco fue manual, y sólo en los surcos centrales de cada unidad experimental. Para evaluar el rendimiento de forraje seco las plantas seleccionadas se secaron en estufa a humedad constante durante 48 horas.

En este trabajo se estudiaron las variables Rendimiento de grano (RG) y rendimiento de forraje seco (FS) en kg/ha. Los datos fueron analizados estadísticamente mediante el paquete de cómputo de Olivares (1996) a una  $p < 0,05$ . Cuando se detectaron diferencias estadísticas significativas, se efectuó la comparación de medias mediante la prueba protegida de Fisher (Steel y Torrie, 1981). El análisis de estabilidad fenotípica de los cinco genotipos con respecto a RG y FS fue determinado usando el coeficiente de regresión, la desviación de la regresión (Eberhart y Russell, 1966), y el coeficiente de variabilidad (Francis y Kannenberg, 1978). Los genotipos de amaranto con coeficientes de regresión  $b$  mayores que 1 indican un mejor comportamiento a las condiciones favorables con respecto al rendimiento promedio del sitio. Los valores de  $b$  cercanos a cero sugieren que no existe ninguna variabilidad del fenotipo como respuesta al cambio de la estabilidad en ambientes. Los genotipos con valores mínimos de coeficientes de variación y desviación estándar son considerados estables.

#### **Análisis crítico del artículo.**

**Cuadro 6.** Análisis crítico del artículo Interacción genotipo x ambiente y análisis de estabilidad en genotipos de amaranto (*Amaranthus spp*).

<b>MODELO PRESENTADO EN EL ARTÍCULO</b>	<b>MODELO PROPUESTO EN ESTE TRABAJO DE INVESTIGACIÓN</b>
<p>Evaluaron cinco genotipos en tres ambientes del norte de México, durante los ciclos agrícolas primavera-verano (PV) 2000, PV 2001 y PV 2002.</p> <p>El diseño experimental fue de bloques completos al azar con dos repeticiones con</p>	<p>Se evalúan tres genotipos en cada una de las localidades las cuales fueron evaluadas durante dos semestres (S1 y S2), para un total de 6 ambientes en Cundinamarca Colombia en un cultivo de habichuela.</p>

<p>arreglo factorial en parcelas divididas en espacio y tiempo. Se analizaron (1) la estabilidad de los genotipos expuestos a diferentes ambientes por el método de Eberhart y Russell (1966), y (2) la agrupación de los materiales por su rendimiento de grano (RG) y de forraje seco (FS) por el método de Francis y Kannenberg (1978).</p> <p>Las variables analizadas son Rendimiento de grano (RG) y rendimiento de forraje seco (FS) en kg/ha.</p>	<p>El diseño experimental fue de bloques completos al azar con tres repeticiones.</p> <p>Se mira la estabilidad de los genotipos con la metodología de Eberhart y Russell (1966) y además se compara el modelo tradicional de Eberhart y Russel con el modelo AMMI (Método de los efectos aditivos principales e interacciones multiplicativas)</p> <p>Además de la variable rendimiento se estudia días de floración, días de cosecha, número de vainas por planta, las variables, peso de 10 vainas, además de las enfermedades porcentaje de Mosca blanca, Virosis, Antracnosis y Mildeo polvoso.</p>
---	--

### **Criterio de búsqueda**

www.google.com

"interacción" y "genotipo" y "x" y "ambiente"

[http://www.revistaphyton.fund-romuloraggio.org.ar/vol80/Garcia-Pereyra\\_2011.pdf](http://www.revistaphyton.fund-romuloraggio.org.ar/vol80/Garcia-Pereyra_2011.pdf)

## **6.7 Interacción genotipo - ambiente para la estabilidad de rendimiento en trigo en la región de Mexicali, D.C., México**

### **Autores**

Rosario E. Rodríguez-González  
Juan F. Ponce-Medina

Leonel Avendaño-Reyes

Juan J. Paz Hernández

Jesús Santillano Cazares

Manuel Cruz-Villegas

*Instituto de Ciencias Agrícolas Carretera a Delta s/n 21705 Ejido Nuevo León, Baja California, México.*

Edgar O. Rueda-Puente

Departamento de Administración Agropecuaria, Universidad de Sonora. Carretera Internacional y Avenida 16 de septiembre s/n. C.P. 84600, Santa Ana, Sonora, México.

### **Fecha de publicación:**

2011

### **Objetivo**

Evaluar la estabilidad de rendimiento de variedades comerciales de trigo Cachanilla F-2000, Yécora F-70 y Triguénio F-00, en Valle de Mexicali, Baja California, bajo cuatro ambientes de prueba, determinando la magnitud y naturaleza de la interacción  $G \times A$ . y evaluando la estabilidad del rendimiento, usando el modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI), en el periodo 2007-2008.

### **Resumen.**

Los autores considerando que no existe información de investigación en variedades de trigo relacionada con rendimiento, sus componentes y la calidad harinera en estos sistemas de rotación hortalizas-trigo con regímenes de fertilidad residual y fertilización comercial, realizan la investigación con la finalidad de evaluar la estabilidad del rendimiento de variedades comerciales de trigo Cachanilla F-2000 (C), Yécora F-70 (Y) y Triguénio F-00 (TR), en el Valle de Mexicali, Baja California, bajo cuatro ambientes de prueba, usando el modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI), desarrollaron ensayos en el período 2007-2008, bajo un diseño experimental de bloques al azar con cuatro (4) repeticiones. Los resultados encontrados en el análisis de la interacción Genotipo  $\times$  Ambiente resultó altamente significativa ( $P < 0.01$ ) para las variables de estudio.



Los autores afirman que el modelo AMMI fue una herramienta útil para identificar variedades de alto rendimiento de trigo. Sin embargo, no todas las variables de rendimiento de grano, sus componentes y fuerza de gluten pueden ser evaluadas con el mismo modelo.

Llegaron a la conclusión con el modelo de AMMI, los genotipos (C), (Y) y (TR) no resultó ser más efectivo para caracterizar la respuesta de los genotipos. No todas las variables de rendimiento de grano, sus componentes y fuerza de gluten pudieron ser evaluadas con el mismo modelo. Por lo tanto, en base a estas diferencias es necesario evaluar otros modelos que proporcionen mayor información tales como la metodología de la varianza de estabilidad de Shukla, Lin y Binns, regresión de Finlay y Wilkinson, índices de Eskridge, entre otros.

### **Análisis crítico del artículo.**

**Cuadro 7.** Análisis crítico del artículo Interacción genotipo - ambiente para la estabilidad de rendimiento en trigo en la región de Mexicali, b.c., México

<b><i>MODELO PRESENTADO EN EL ARTÍCULO</i></b>	<b><i>MODELO PROPUESTO EN ESTE TRABAJO DE INVESTIGACIÓN</i></b>
<p>Los experimentos se realizaron durante dos años consecutivos, en el ciclo otoño-invierno del año 2007-08,</p> <p>Las variables evaluadas fueron: Rendimiento de grano (RG) en Kg ha<sup>-1</sup> y sus componentes:</p> <p>Rendimiento de paja (RP) en Kg ha<sup>-1</sup>, Panza blanca (PB), Peso hectolítrico (PH) en Kg hL<sup>-1</sup> Índice de cosecha (IC), Proteína en grano (PG) en %, y calidad harinera: Fuerza de gluten (W) y (W= R x 10- 4 J), donde R= Valor cuantitativo y J= Joules, y , para los</p>	<p>Los experimentos se realizaron durante dos años consecutivos, años 2013-2014</p> <p>En este proyecto se realizara además del modelo AMMI la metodología de Eberhart y Russell (1966).</p> <p>Presentan Representación gráfica (Biplot) de la asociación de los genotipos con los ambientes particulares respecto a los dos primeros ejes de componentes principales</p>

<p>cuatro ambientes: Ambiente 1: fertilidad residual- 2007 (FR), Ambiente 2: fertilidad residual+ fertilización comercial - 2007(FR+FC) , Ambiente 3: fertilidad residual-2008 (FR ), Ambiente 4: Fertilidad residual+ Fertilización comercial -2008 (FR+FC).</p> <p>Para los análisis de estabilidad fenotípica se utilizó el Modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (Modelo AMMI),</p>	<p>del análisis AMMI para una variables, lo cual es útil para esta investigación</p>
---	--

### **Criterio de búsqueda**

Google académico

"AMMI" Y "INFOGEN"

<http://www.scielo.org.mx/pdf/tsa/v14n2/v14n2a15.pdf>

## **6.8 Selección de genotipos superiores de arroz a través de tres ambientes contrastantes de la República Dominicana**

### **Autores.**

Ángel Adames

Investigador en arroz.

Dámaso Flores

Juan Colón

Antonio Gómez

Investigadores en arroz del Instituto Dominicano de Investigaciones Agropecuarias y Forestales (IDIAF)

## **Fecha de publicación**

2012

## **Objetivo**

Identificar genotipos superiores y estables a través de tres ambientes mediante el uso de técnicas multivariadas de varianza

## **Resumen.**

Este estudio se centró en el arroz ya que en la República Dominicana, constituye la principal fuente de calorías y proteínas para más del 60 % de los hogares pobres. La planta de arroz manifiesta una fuerte interacción con el ambiente, afectando principalmente el rendimiento y sus componentes (Segovia 2004).

En ese sentido, investigadores señalan que las mejores líneas provenientes de pruebas de rendimiento son evaluadas en ensayos regionales con el propósito de conocer su comportamiento y adaptabilidad con relación al rendimiento y sus componentes, en las áreas representativas de siembra del cultivo, Turrialba *et al.* (2004).

El diseño experimental utilizado fue de bloques completos al azar con tres repeticiones de 21 tratamientos. La unidad experimental fue 20 m<sup>2</sup> y área útil de 10 m<sup>2</sup>. El método de siembra fue trasplante manual en hileras y el marco de plantación 25 x 25 cm<sup>2</sup>. Las variables evaluadas fueron: días a de floración, panículas/m<sup>2</sup>, espiguillas/panícula, peso 1000 granos (g), rendimiento paddy (kg.ha<sup>-1</sup>), interacción genotipo/ambiente y porcentaje de arroz entero. Los datos se analizaron con InfoGen, integrándose los factores y variables mediante el uso de técnicas multivariadas de varianza (Johnson 2000), tales como: análisis de componentes principales, Manova, Anova y análisis combinatorio. Para la medición de las variables, se utilizó el sistema de evaluación estándar para arroz del CIAT (1980).

Como resultados encontraron diferencias estadísticas significativas entre los tratamientos evaluados y entre los ambientes considerados, así como en la interacción genotipos ambientes. Los genotipos evaluados presentaron diferencia con relación a la fertilidad de la panícula y entre los ambientes estudiados.

En esta investigación se encontró diferencias significativas en cuanto al porcentaje de arroz entero y pulido, tanto entre los genotipos como en los ambientes estudiados esto fue importante ya que la calidad industrial se basa principalmente en el porcentaje de granos enteros obtenido después del proceso de elaboración en la industria.

#### **Análisis crítico del artículo.**

**Cuadro 8.** Análisis crítico del artículo Selección de genotipos superiores de arroz a través de tres ambientes contrastantes de la República Dominicana.

<b><i>MODELO PRESENTADO EN EL ARTÍCULO</i></b>	<b><i>MODELO PROPUESTO EN ESTE TRABAJO DE INVESTIGACIÓN</i></b>
Los datos se analizaron con InfoGen, integrándose los factores y variables mediante el uso de técnicas multivariadas de varianza, tales como: análisis de componentes principales, Manova, Anova y análisis combinatorio.	Se utiliza el mismo Software para el análisis Anova y análisis de varianza conjunta además de lo anterior se realizara el análisis de interacción genotipo ambiente. Se realizó también en el software R.

#### **6.9 Interacción genotipo-ambiente en caña de azúcar mediante los modelos AMMI y regresión de sitios en Venezuela**

##### **Autores.**

R. Rea  
Fundación Instituto de Estudios Avanzados, Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas.

M. Ramón  
INIA-Portuguesa.

O. De Sousa-Vieira  
A. Diaz  
R. Briceño  
J. George

M. Niño  
INIA-Yaracuy.

**Fecha de publicación:**

2014

**Objetivo**

Estimar la variabilidad en el rendimiento en caña/ha (TCH) y determinar los patrones de respuesta entre genotipos y ambientes mediante los modelos de los efectos aditivos principales e interacciones multiplicativas (AMMI) y el Análisis de Regresión de Sitios (SREG)

**Resumen.**

En Venezuela, la caña de azúcar (*Saccharum* spp. Híbrido) es cultivada bajo diferentes condiciones de suelos, niveles de fertilidad y humedad. La interacción genotipo x ambiente (IGA) es un fenómeno reconocido universalmente que ocurre cuando se evalúan genotipos en diferentes ambientes.

Para evaluar el rendimiento en caña (TCH) y considerar adaptabilidad general, específica y posibles agrupamientos de ambientes se usó la metodología de AMMI y GGE biplot (Crossa *et al.*, 1990; Yan, 2011). Los análisis estadísticos se realizaron mediante el software Infogen (Balzariniy Di Renzo, 2011)

El modelo de Efectos Aditivos e Interacción Multiplicativa (AMMI) es representado mediante la fórmula matemática siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k y_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

$Y_{ij}$ : Es la respuesta media de un genotipo i en un ambiente j.

$\mu$ : Es la media general de las observaciones (Su estimación se hace por medio de  $\hat{\mu} = \bar{Y}..$ ).

$g_i$ : Es el efecto del genotipo i (Desvío respecto al promedio general del genotipo i, y se estima a través de  $\hat{g}_i = \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}..$ ).

$e_j$ : Es el efecto del ambiente j (Desvío respecto al promedio general del ambiente j, y se estima por medio de  $\hat{e}_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}..$ ).

$\lambda_k$ : Es el valor propio del eje k de componentes principales.

$y_{ik}$ : Son los vectores propios unitarios genotípicos asociados a  $\lambda_k$ .

$\alpha_{jk}$ : Son los vectores propios unitarios ambientales asociados a  $\lambda_k$ .

$\varepsilon_{ij}$ : Error del genotipo i en el ambiente j.

$p$ : Número de ejes de componentes principales considerados en el modelo AMMI.

El modelo de regresión sobre sitios (SREG) está dado por:

$$Y_{ij} = \mu_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k y_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

$Y_{ij}$ : Es la respuesta media de un genotipo i en un ambiente j.

$\mu_j$ : Media del ambiente j para todos los genotipos y en este modelo se estima por medio de.

$$\mu_j = \bar{Y}_{.j}$$

$\lambda_k$ : Es el valor propio del eje k de componentes principales.

$y_{ik}$ : Son los vectores propios unitarios genotípicos asociados a  $\lambda_k$ .

$\alpha_{jk}$ : Son los vectores propios unitarios ambientales asociados a  $\lambda_k$ .

$\varepsilon_{ij}$ : Error del genotipo i en el ambiente j.

$p$ : Número de ejes de componentes principales considerados en el modelo SREG.

### **Análisis crítico del artículo.**

**Cuadro 9.** Análisis crítico del artículo Interacción genotipo-ambiente en caña de azúcar mediante los modelos AMMI y regresión de sitios en Venezuela.

<b><i>MODELO PRESENTADO EN EL ARTÍCULO</i></b>	<b><i>MODELO PROPUESTO EN ESTE TRABAJO DE INVESTIGACIÓN</i></b>
<p>Ensayos fueron instalados en bloques completamente al azar con tres repeticiones.</p> <p>Para evaluar el rendimiento en caña (TCH) y considerar adaptabilidad general, específica y posibles agrupamientos de ambientes se usó la metodología de AMMI y GGE biplot (Crossa <i>et al.</i>, 1990; Yan, 2011). Los análisis estadísticos se realizaron mediante el software Infogen (Balzarini y Di Renzo, 2011)</p>	<p>Este articulo permitió conocer el software Infogen (Balzarini y Di Renzo, 2011), el cual se utilizara para la metodología de AMMI y el análisis de varianza.</p>

### **Criterio de búsqueda**

Google académico

"AMMI" Y "INFOGEN"

<http://www.produccioncientificaluz.org/index.php/agronomia/article/view/19019/19000>

## **6.10 Estabilidad fenotípica de una colección de fríjol andino (*Phaseolus vulgaris* L.) tipo arbustivo**

### **Autores.**

Gustavo A. Ligarreto M.

PhD., Profesor Asociado. Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.

Oscar A. Castro H.

Departamento de Nutrición. Instituto Colombiano de Bienestar Familiar, ICBF. Bogotá,

Bernardo Chávez C. M.Sc., Department of Biological Systems Engineering and Horticultural Crops Research Unit, USDA. Washington State University. Pullman, WA (USA),

### **Fecha de publicación:**

Rev. U.D.C.A Act. & Div. Cient. 18(1): 109-118, Enero- Junio, 2015

### **Objetivo.**

Evaluar la estabilidad fenotípica de 13 accesiones de fríjol rojo arbustivo, con crecimiento determinado de una colección de referencia, en cinco ambientes, en clima templado y frío, en Colombia.

### **Resumen.**

La investigación se realizó con fríjol común ya que es uno de los alimentos más importantes en la dieta básica de la población en países de Latinoamérica, gracias a su alto aporte proteínico, que alcanza el 22%, al suministro de carbohidratos y de elementos minerales esenciales (Caldas & Blair, 2009). La especie en los últimos años ha perdido competitividad, entre otros factores, porque la producción de fríjol se obtiene bajo condiciones de ambientales con estrés, tanto biótico como abiótico, lo que redundará en un bajo rendimiento (Arias *et al.* 2007).

## **MATERIALES Y MÉTODOS**

Localización. Los ensayos de ambientes múltiples, se realizaron en cuatro semestres consecutivos, en el municipio de Mosquera, Cundinamarca numerados Mosquera 1, Mosquera 2, Mosquera 3, Mosquera 4 y el municipio Darién, Valle del Cauca.



Los Genotipos de fríjol fueron 13 materiales en estudio son parte de la colección del banco de germoplasma que administra Corpoica y corresponden al acervo andino, de hábito arbustivo y de grano rojo, de las cuales, nueve son de Colombia: Diacol Andino, Antioquia 10, Antioquia 19, Antioquia 27A, Boyacá 18, ICA Cerinza, Cundinamarca 148, Línea 34400, Nariño 12 y cuatro son accesiones introducidas: México 496, México 497, Perú 40 y Perú 152 (Ligarreto, 2012)

Diseño Experimental. Los tratamientos corresponden a las 13 accesiones, distribuidas en un diseño de bloques completos al azar, con tres repeticiones.

Análisis estadístico. La información registrada de rendimiento de grano fue procesada con el programa de estadística SAS® versión 9,0. Se empleó, para el análisis de varianza combinado de ambientes, el procedimiento GLM; se consideraron efecto fijo para el genotipo y efectos aleatorios del ambiente. El modelo estadístico lineal y aditivo para análisis combinado de varianza fue:

$$Y_{ijk} = \mu + \rho_i + b_{j(i)} + g_k + (gp)_{ik} + e_{ijk}$$

Donde  $\mu$  es la media general,  $\rho_i$  es el efecto aleatorio del ambiente,  $b_{j(i)}$  es el efecto aleatorio de la repetición en la localidad,  $g_k$  es el efecto fijo del genotipo,  $(gp)_{ik}$  es el efecto aleatorio de la interacción genotipo por ambiente y  $e_{ijk}$  es el efecto aleatorio del error.

Para discriminar las accesiones de fríjol más estables, a través de los cinco ambientes, se emplearon los métodos estadísticos de Eberhart & Russell (1966) aplicando el software SAS®, como lo sugiere Ceballos (1998), el modelo Ecovalencia, de Wricke, (1962) y la Varianza de estabilidad, de Shukla (1972), como lo presentó Kang (1989) y efectos principales aditivos e interacción multiplicativa AMMI, programado en SAS, según lo descrito por Vargas *et al.* (1999).

### **Análisis crítico del artículo.**

**Cuadro 10.** Análisis crítico del artículo estabilidad fenotípica de una colección de fríjol andino (*Phaseolus vulgaris* L.) tipo arbustivo.

<b>MODELO PRESENTADO EN EL ARTÍCULO</b>	<b>MODELO PROPUESTO EN ESTE TRABAJO DE INVESTIGACIÓN</b>
En esta investigación se utilizó el diseño de bloques completos al azar, con tres repeticiones. Para discriminar las accesiones de frijol más estables, a través de los cinco ambientes, se emplearon los métodos estadísticos de Eberhart& Russell (1966) aplicando el software SAS®, como lo sugiere Ceballos (1998), el modelo Ecovalencia, de Wricke, (1962) y la Varianza de estabilidad, de Shukla (1972), como lo presentó Kang (1989) y efectos principales aditivos e interacción multiplicativa AMMI, programado en SAS, según lo descrito por Vargas et al. (1999).	Este artículo es importante ya que permitió afianzar la importancia y el análisis del método estadístico Eberhart& Russell (1966) el cual a diferencia se realizara con el software <b>GENES</b> porque tiene en sus opciones análisis de estabilidad y adaptabilidad basada en regresión entre ellas Eberhart y Russell , 1966 Finlay y Wilkinson , 1963 y Tai , 1971. Además es claro para la metodología de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa AMMI, se desarrolló con el software R e Info-Gen ya que está diseñado para facilitar el manejo de base de datos relacionados a problemas en genética y mejoramiento y presentan una interfaz muy sencilla para el usuario.

### **Criterio de búsqueda**

Google académico

"AMMI" Y "FRÍJOL"

<http://www.scielo.org.co/pdf/rudca/v18n1/v18n1a13.pdf>

### **6.11 Modelación de la interacción genotipo X ambiente en rendimiento de híbridos de maíz blanco en ambientes múltiples.**

### **Autores**

Águeda Lozano-Ramírez. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo. Km 45 Carr. México-Veracruz. 56237, El Batán, Texcoco, Edo. de México.

Amalio Santacruz-Varela. Campus Montecillo, Colegio de Postgraduados. Km 36.5 Carr. México-Texcoco. 56230, Montecillo, Texcoco, Edo. de México.

Félix San-Vicente-García. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo. Km 45 Carr. México-Veracruz. 56237, El Batán, Texcoco, Edo. de México.

José Crossa. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo. Km 45 Carr. México-Veracruz. 56237, El Batán, Texcoco, Edo. de México.

Juan Burgueño. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo. Km 45 Carr. México-Veracruz. 56237, El Batán, Texcoco, Edo. de México.

José D. Molina-Galán. Campus Montecillo, Colegio de Postgraduados. Km 36.5 Carr. México-Texcoco. 56230, Montecillo, Texcoco, Edo. de México.

**Fecha de publicación:** Revista Fitotecnia Mexicana [online]. 2015, vol.38, n.4 [citado 2018-01-24], pp.337-347.

## **Objetivo**

Utilizar varios modelos para interpretar la respuesta de los genotipos a través de ambiente y para estudiar e interpretar la interacción  $G \times A$  en experimentos agrícolas con híbridos de Maíz en diferentes localidades de Centroamérica.

## **Resumen**

Los programas de fitomejoramiento enfocados a la obtención de genotipos con mayor rendimiento y estables en una amplia gama de condiciones ambientales enfrentan factores ambientales que enmascaran el potencial de los genotipos. La interacción genotipo  $\times$  ambiente ( $G \times A$ ) puede hacer que esta predicción no sea precisa. El objetivo de este estudio fue modelar la interacción  $G \times A$  mediante distintos modelos estadísticos, en un grupo de híbridos de maíz (*Zea mays* L.) en ambientes de clima tropical. Se evaluaron 29 híbridos de endospermo blanco en 15 ambientes de América tropical, con un diseño alfa-látice. La

variable rendimiento se analizó primero con un análisis combinado de varianza. Posteriormente se aplicaron los métodos de efectos principales aditivos e interacción (AMMI) y de regresión en los sitios (SREG) con el modelo de factores analítico (FA), para estudiar la interacción  $G \times A$  y definir ambientes que discriminen mejor a los genotipos, y que permitan el agrupamiento de ambiente y genotipos. El análisis AMMI señaló a una localidad de Guatemala, una de México y una de Nicaragua como las de mayor interacción, identificaron cuatro mega-ambientes, y definió al híbrido más estable y con buen rendimiento. El método SREG FA resultó un buen predictor porque permitió identificar cuatro subgrupos y agrupó ambientes de diferentes países con características semejantes.

## **Materiales**

Se evaluaron 29 híbridos traslineares de endospermo blanco, dos con alta calidad de proteína (QPM), y 27 normales de maíz provenientes de líneas élite desarrolladas en el sub-programa Trópicos Bajos del Programa Global de Maíz del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo. Los ensayos se establecieron en 15 localidades, tres de ellas en México y el resto distribuidas en 12 países de América Central, Norte de Sud-América, durante junio-diciembre de 2012.

## **Diseño experimental**

El diseño experimental utilizado en todas las localidades fue de alfa-látice (Patterson y Williams, 1976) con tres repeticiones. La unidad experimental estuvo constituida por dos surcos de 5 m de longitud y 0.80 m de ancho, y una separación entre plantas de 0.20 m, para una densidad de población de 60 mil plantas por hectárea.

## **Variable de respuesta y análisis estadístico**

Se evaluó el rendimiento, expresado en toneladas por hectárea, ajustado a 12.25 % de humedad y con un factor de desgrane de 80 %. Se realizó el análisis individual y combinado a través de ambientes con el modelo básico de las Ecuaciones 1 y 2, respectivamente. Del análisis individual solo se extrajeron los promedios de los genotipos a través de localidades. Posteriormente se realizó un análisis de la interacción  $G \times A$  cuando el análisis de varianza determinó significancia estadística para este efecto, mediante análisis AMMI de

componentes principales aditivos de la interacción  $G \times A$  (Gauch, 2006; Glaz y Kang, 2008); y el análisis SREG F. El diseño experimental utilizado en todas las localidades fue de alfaládice (Patterson y Williams, 1976) con tres repeticiones. La unidad experimental estuvo constituida por dos surcos de 5 m de longitud y 0.80 m de ancho, y una separación entre plantas de 0.20 m, para una densidad de población de 60 mil plantas por hectárea.

Se evaluó el rendimiento, expresado en toneladas por hectárea, ajustado a 12.25 % de humedad y con un factor de desgrane de 80 %. Se realizó el análisis individual y combinado a través de ambientes con el modelo básico de las Ecuaciones 1 y 2, respectivamente. Del análisis individual solo se extrajeron los promedios de los genotipos a través de localidades. Posteriormente se realizó un análisis de la interacción  $G \times A$  cuando el análisis de varianza determinó significancia estadística para este efecto, mediante análisis AMMI (Ecuación 3) de componentes principales aditivos de la interacción  $G \times A$  (Gauch, 2006; Glaz y Kang, 2008); y el análisis SREG FA.

Los resultados obtenidos por descomposición del valor singular de ambos modelos, para reducir la direccionalidad de las variables en componentes principales, se plasmaron en un gráfico "biplot". Para el método AMMI se realizó la prueba de Gollob (1968) para determinar la significancia de cada componente de este modelo. Adicionalmente, para el SREG FA se realizó un análisis de conglomerados con los factores obtenidos, mediante distancias Euclidianas y el método de ligamiento de Ward. Los análisis estadísticos individuales, combinado y AMMI fueron realizados con el paquete estadístico SAS (Statistical Analysis System), versión 9.1. El análisis SREG FA se realizó con el paquete estadístico ASReml (Gilmour et al., 2002).

## **Conclusiones**

El modelo AMMI fue útil para entender la compleja interacción genotipo por ambiente existente en caracteres cuantitativos como el rendimiento de grano, lo que permite ganar comprensión de la interacción, mejorar el proceso de selección y sumar eficacia experimental al poder formar grupos de ambientes de igual respuesta, así como grupos de ambientes que poco contribuyen a la interacción y a la discriminación de genotipos. La aplicación de SREG FA fue altamente efectiva, porque los ambientes fueron agrupados con mayor precisión.

Estos resultados demuestran la aplicabilidad de este método para definir los mega-ambientes cuando existe poca interacción. Los resultados obtenidos con este método muestran que, desde la perspectiva de un mejorador, es importante tener en cuenta la combinación de ciertos subconjuntos de ambientes en un grupo más amplio (mega-ambientes), ya que esto permite representar mejor a las poblaciones objetivo.

**Cuadro 11.** Análisis crítico del artículo Modelación de la interacción genotipo X ambiente en rendimiento de híbridos de maíz blanco en ambientes múltiples.

<b><i>MODELO PRESENTADO EN EL ARTÍCULO</i></b>	<b><i>MODELO PROPUESTO EN ESTE TRABAJO DE INVESTIGACIÓN</i></b>
<p>El modelo lineal mixto básico para analizar genotipos en ambientes en repeticiones con bloques, en su forma SREG con expresión matricial, es el siguiente:</p> <p>Donde X es la matriz de incidencia para los efectos fijos ambientales de repeticiones, Zr y Zg son matrices de incidencia de los efectos aleatorios de bloques dentro de repeticiones y ambientes y el efecto de genotipos dentro de ambientes respectivamente. Este último incluye el efecto principal del genotipo más la interacción genotipo-ambiente (GGA). El vector b es de efectos fijos de ambientes y repeticiones, y los vectores r, g y e contienen los efectos aleatorios de bloques anidados en repeticiones y ambientes, genotipos anidados en ambientes y el error experimental.</p>	<p>Se evaluarán tres ambientes separados por semestre y se realizará análisis de varianza por localidad y combinado a través de todos los ambientes para las variables rendimiento. Además se realizó estadística descriptiva para días de floración, días de cosecha, número de vainas por planta, las variables, peso de 10 vainas, además de las enfermedades porcentaje de Mosca blanca, Virosis, Antracnosis y Mildeo polvoso.</p> <p>Para la estabilidad se usará los métodos propuestos por Eberhart y Russell y el modelo AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction Analysis) y se utilizará el Biplot del modelo AMMI para seleccionar Genotipos en ensayos replicados de campo en el Mejoramiento de plantas.</p>

## **Criterio de búsqueda**

Google académico: Interacción Genotipo\*ambiente

## **7 MARCO CONCEPTUAL**

### **7.1 Cultivos Anuales**

Cultivos anuales son aquellos cuyas plantas germinan, florecen, dan frutos y mueren en el curso de un año (o un tiempo menor).

### **7.2 Habichuela**

La habichuela como hortaliza apareció en Estados Unidos en 1890 a partir del mutante German Wax Bean que a su vez originó la variedad comercial conocida como Blue lake. Es una hortaliza cultivada y consumida a nivel mundial; las preferencias cualitativas de las variedades de habichuela varían de un país a otro (Myers y Bagget, 1999).

Es una planta autógama y por ello la uniformidad genética de todas las plantas de una variedad mejorada debe presentar pocas variaciones en la expresión de su fenotipo. Sin embargo las contaminaciones mecánicas con otras variedades y las contaminaciones genéticas, ocasionadas por los cruzamientos provocados por insectos o por las segregaciones persistentes, obligan a disponer de un método de descripción varietal que asegure la pureza genética y física de la semilla de habichuela en los sucesivos incrementos que experimenta durante su multiplicación (CIAT).

### **7.3 Interacción genotipo x ambiente (GxA)**

Vallejo y Estrada (2002) definieron genotipo, ambiente y la interacción, precisando que un genotipo es la constitución hereditaria completa de un organismo. Además de comprender los factores de herencia citoplasmáticos y todos los genes localizados en los cromosomas. Por otro lado el ambiente lo definen como el conjunto de todas las condiciones externas que afectan el crecimiento y desarrollo de un organismo, en las cuales se encuentran los factores ambientales predecibles por ejemplo método de siembra, fertilidad y tipo del suelo, fecha entre otros y los impredecibles como enfermedades, cantidad de lluvia, temperatura, presiones repentinas de insectos y humedad relativa. Terminando con la interacción genotipo



por ambiente (GxA) la cual la definen como la incapacidad de un determinado genotipo para manifestarse similarmente cuando se siembra en diferentes ambientes.

El potencial de rendimiento en un cultivo es resultado de la interacción planta - ambiente durante el periodo vegetativo del cultivo (Escallon *et al.*, 2005).

El comportamiento diferencial que presentan los genotipos cuando se evalúan en diferentes ambientes, se debe a la interacción genotipo ambiente (GxA), dificultándose la selección de los que están ampliamente adaptados como los más estables. La presencia de (GxA) afecta la estimación de la varianza genética, sobrestimando la ganancia genética debida a selección, afectando negativamente el éxito de los programas de mejoramiento genético (Cruz, 2005), plantea que al evaluar simultáneamente un conjunto de genotipos en diferentes ambientes, se debe considerar un efecto adicional en la expresión del fenotipo debido a la interacción (GxA).

Ramalho *et al.* (2000) explican que el efecto ambiental se considera como un factor de incertidumbre en la estimación de los parámetros genéticos. Una forma de disminuir su efecto, determinar su magnitud e impacto sobre la selección, para poder recomendar las nuevas variedades, se realiza mediante el uso de diseños estadísticos apropiados, repetidos en diferentes ambientes.

En los programas de mejoramiento genético de plantas es común evaluar la respuesta de los genotipos en varios ambientes con el fin de valorar la estabilidad fenotípica. Los primeros modelos para evaluar la estabilidad fueron llamados de varianza ambiental y se soportan en un modelo jerárquico que contempla el efecto principal de los genotipos, y el efecto de los genotipos dentro de los ambientes, lo cual se denomina el concepto biológico de la estabilidad fenotípica. Una de las grandes preocupaciones de los mejoradores es poder encontrar líneas, variedades e híbridos, con alta estabilidad y respuesta fenotípica.

Usualmente no se implementa el análisis de la interacción genotipo por ambiente en pruebas realizadas en el corto plazo, sin embargo en los últimos años esta tendencia ha cambiado (Kang y Pham, 1991), ya que se persiguen objetivos distintos más acordes con las limitaciones prácticas de las pruebas regionales en un programa de mejoramiento.

Se han desarrollado numerosas y variadas metodologías de análisis estadístico para el análisis de pruebas regionales que abarcan: análisis de regresión desarrollados por Finlay y Wilkinson (1963), Eberhart y Russell (1966); análisis de componentes de varianza propuestos Becker (1981); análisis de patrones (DeLacy et al., 1990), que pueden ser por agrupación (clasificación) y por ordenación, incluyendo estos últimos los denominados modelos AMMI (Additive Main Effects Multiplicative Interaction), SREG (Sites Regression), GREG (Genotypes Regression), COMM (Complete Multiplicative Modelling) desarrollados e implementados principalmente por Gauch y Zobel (1996), Crossa et al. (2004), Gauch (2006), Yan *et al.* (2007), Gauch *et al.* (2008), Yang *et al.* (2009); Análisis no paramétricos propuestos por Nassar *et al.* (1994); modelación tipo FA (Factor Analytic) de la estructura de varianzas y covarianzas para los efectos de la interacción genotipo por ambiente propuestos por Piepho (1998), Smith *et al.* (2005), Kelly *et al.* (2007), Burgueño *et al.* (2008); análisis de rendimiento y estabilidad propuestos por Kang (1988), Kang (1991), Nassar *et al.* (1994); análisis bayesianos desarrollados por Besag y Higdon (1999), Foucteau y Dennis (2001), Theobald *et al.* (2002), Edwards y Jannick (2006), Cotes *et al.* (2006), Crossa *et al.* (2011).

Este elevado número de metodologías generan desconcierto y confusión para los mejoradores de plantas que, finalmente, no disponen de una herramienta confiable para el análisis de pruebas regionales, y el escoger una u otra metodología se hace con argumentos empíricos más que teóricos. Según DeLacy, *et al.* (1996), ante la gran diversidad de métodos para el análisis de la interacción genotipo por ambiente, algunos mejoradores han optado por utilizar varios de ellos, con el fin de mejorar la eficiencia de la selección. Sin embargo, ello requiere gran cantidad de tiempo, mientras que las decisiones de selección deben ser tomadas en “tiempo real”.

Alejos, *et al.* (2006) evaluaron la adaptabilidad y estabilidad del rendimiento de grano de 16 híbridos de maíz, *Zea mays* L., blanco usando el modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI). Los ensayos fueron conducidos en seis ambientes durante el período 2000-2001 en el estado Yaracuy, Venezuela. El ambiente, genotipo y la interacción genotipo-ambiente explicaron el 36%, 22% y 42% del total de la suma de cuadrados, respectivamente. Los dos primeros componentes principales (CP) del análisis del

modelo AMMI fueron significantes ( $P < 0,001$ ), explicando un 37% y 27% de la suma de cuadrados de la interacción. El modelo AMMI fue una herramienta útil para identificar genotipos de maíces de altos rendimientos y con adaptabilidad específica y amplia.

Rodríguez *et al* (2011) establecieron unos ensayos con el propósito de evaluar la estabilidad del rendimiento de variedades comerciales de trigo en el Valle de Mexicali, Baja California, bajo cuatro ambientes de prueba, usando el modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI), se desarrollaron ensayos en el período 2007-2008, bajo un diseño experimental de bloques al azar con cuatro repeticiones. Los resultados encontrados en el análisis de la interacción Genotipo-Ambiente resultó altamente significativa ( $P < 0.01$ ) para las variables de estudio. El modelo AMMI fue una herramienta útil para identificar variedades de alto rendimiento de trigo. Sin embargo, no todas las variables de rendimiento de grano, sus componentes y fuerza de gluten pueden ser evaluadas con el mismo modelo. Así mismo realizaron análisis de varianza de bloques completos al azar para estudiar el efecto de la interacción para las diferentes variables agronómicas, adicionalmente se corrieron contrastes ortogonales para evaluar posibles diferencias entre los genotipos para las variables.

Cotes *et al* (2012) afirman que para analizar la interacción genotipo\*ambiente se han desarrollado numerosos métodos de análisis que involucran un modelo de dos vías con interacción; es decir: el efecto del genotipo, del ambiente y de la interacción genotipo ambiente. Se argumenta que estos modelos están más acorde con los intereses agronómicos que los modelos inicialmente usados, pero este artículo muestra como el modelo de varianza ambiental es un modelo más general y preferible para evaluar la estabilidad de la respuesta fenotípica, y con base en éste, a través de la metodología bayesiana, se desarrolla y propone un parámetro que no sólo permite la selección de genotipos con alta estabilidad y respuesta fenotípica, sino que además permite la incorporación de información previa de los genotipos testigos usados en las pruebas regionales.

La mayoría de los procesos de selección de germoplasma para la liberación de nuevos cultivares involucran generalmente varios componentes de rendimiento sin embargo, en México estos procesos solo han enfatizado en el rendimiento de grano (González *et al.*, 2007; Lozano del Río *et al.*, 2009). En la mecánica de estos procesos, los genotipos son sometidos

a pruebas suelos con alto contenido de nutrientes y ambientes muy específicos. Sin embargo, cuando los cultivares son liberados, estos se siembran bajo diferentes condiciones de manejo. Esto hace que al sembrarse en ambientes diferentes, su rendimiento varíe, lo cual se define como interacción genotipo-ambiente o estabilidad fenotípica. La estabilidad fenotípica del rendimiento ha tenido varias interpretaciones, siendo dos de ellas la biológica y la agronómica. La biológica es cuando el genotipo presenta mínima variación a través de los ambientes, mostrando un rendimiento constante en cualquier condición de producción. La agronómica es cuando existe una mínima interacción genotipo-ambiente, lo cual está asociado a la pretensión de obtener un incremento del rendimiento en respuestas para su evaluación, con una amplia variedad de condiciones para la obtención de genotipos estables (Becker, 1981).

En este sentido, para evaluar el comportamiento agronómico de los cultivares, generados de los programas de mejoramiento genético de cualquier rubro agrícola, es necesario medir la estabilidad relativa de los genotipos sometidos a la totalidad de los ambientes predominantes en una región potencial de adaptación. Las etapas finales de estos programas incluyen experimentos de evaluación en diferentes localidades durante varios años.

La ocurrencia a menudo de interacción genotipo-ambiente (GxA) en este tipo de ensayos exige la realización de estudios adicionales con el propósito de precisar la selección de individuos con adaptabilidad general y específica. La interacción (GxA) es frecuentemente descrita como la inconsistencia de comportamiento entre genotipos desde un ambiente a otro, y cuando ésta ocurre en gran proporción reduce el progreso genético de la selección (Yang y Baker, 1991; Magari y Kang, 1993). Varios procedimientos estadísticos han sido usados para el análisis de la interacción (GxA), incluyendo métodos univariados y multivariados (Hill, 1975; Lin *et al.*, 1986; Wescott, 1986; Crossa *et al.*, 1990; Flores *et al.*, 1998; Rea y De Sousa, 2002). Entre las diversas técnicas disponibles para realizar este tipo de estudios se ha elegido el método AMMI (Efectos principales aditivos e interacción multiplicativa) propuesto por Zobel *et al.* (1988); Gauch y Zobel (1988 y 1996). Hasta el presente, el método ha sido utilizado en muchos cultivos como oleaginosas, entre otros (Crossa *et al.*, 1990; Van Eeuwijk, 1995; Marín, 1995; Annicchiarico, 1997; Aulicinio *et al.*, 2000; Medina *et al.*, 2002; Marín *et al.*, 2004).

Ligarreto *et al.*, (2015) realizaron la investigación para evaluar la estabilidad fenotípica de 13 accesiones de fríjol rojo arbustivo, con crecimiento determinado de una colección de referencia, en cinco ambientes, con clima templado y frío, en Colombia. , a partir del análisis de la interacción genotipo \*ambiente, empleando tres métodos estadísticos de diferente sensibilidad como los son las metodologías de Eberhart& Russell, Wricke y Shukla y AMMI. Los análisis permitieron determinar que los cultivares ICA Cerinza y Boyacá 18 fueron los más estables, con rendimiento potencial mayor al promedio. Perú 40 y Diacol Andino fueron los de mayor potencial de rendimiento, pero los más inestables, mientras que por el método AMMI, se detectó que todos los ambientes, excepto Mosquera 4, aportaron significativamente a la (GxA), alcanzando el 79,07% de la varianza acumulada, en los dos primeros componentes principales.

#### **7.4 Estabilidad y/o adaptabilidad**

Vallejo y Estrada (2002) muestran la estabilidad para describir un comportamiento uniforme y predecible a través del tiempo (semestres o años) o prácticas agronómicas, de un determinado genotipo en una determinada localidad, mientras la adaptabilidad se refiere a un comportamiento uniforme y predecible de un determinado genotipo a través de distintas localidades. Cabe destacar que para algunos autores los términos de estabilidad y adaptabilidad los toman como sinónimos.

En los programas de mejoramiento genético de plantas es común evaluar la respuesta de los genotipos en varios ambientes con el fin de valorar la estabilidad fenotípica. Los primeros modelos para evaluar la estabilidad fueron llamados de varianza ambiental y se soportan en un modelo jerárquico que contempla el efecto principal de los genotipos, y el efecto de los genotipos dentro de los ambientes, lo cual se denomina el concepto biológico de la estabilidad fenotípica. Una de las grandes preocupaciones de los mejoradores es poder encontrar líneas, variedades e híbridos, con alta estabilidad y respuesta fenotípica. Con ese objetivo se han desarrollado numerosos métodos de análisis que involucran un modelo de dos vías con interacción; es decir: el efecto del genotipo, del ambiente y de la interacción genotipo ambiente. (Cotes *et al* ,2012).

## 8 MATERIALES Y MÉTODOS

### 8.1 Localización

Las pruebas de Evaluación Agronómica de genotipos de habichuela (*Phaseolus vulgaris*) tipo voluble se realizó durante el año 2014, en tres regiones representativas de la región del Sumapaz. La altura sobre el nivel del mar oscilo entre 1160 y 1840 m.s.n.m

**Tabla 1.** Características de las Localidades donde se realizó la prueba de Evaluación Agronómica de materiales de habichuela (*Phaseolus vulgaris*) tipo voluble, 2014.

Municipio	Semestre	Vereda	Altitud (m.s.n.m)	Temperatura promedio	Tipo de suelo	Precipitación
Fusagasugá	A	Guavio bajo	1389	22 °C	Franco arcilloso	1.389 mm
Fusagasugá	B	Guavio bajo	1389	22 °C	Franco arcilloso	1.389 mm
Pasca	A	Guchipas	1840	17°C	Franco limoso	1.810 mm
Pasca	B	Guchipas	1840	17°C	Franco limoso	1.810 mm
Arbeláez	A	Arenal	1160	24°C	Franco limo arcilloso	1.040 mm
Arbeláez	B	Arenal	1160	24°C	Franco limo arcilloso	1.040 mm

Los suelos se han desarrollado a partir de rocas clásticas limos arcillosos, arenosos y depósitos de espesor variable de ceniza volcánica; son bien drenados, de texturas finas a moderadamente gruesas y profundos a superficiales limitados por contacto con el material parental.

### Material vegetal

Se evaluaron dos líneas avanzadas seleccionadas de un grupo de líneas tolerantes a antracnosis suministradas por el Programa de frijol del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) y del cual después de seis semestres se seleccionaron por tolerancia a antracnosis, rendimiento y calidad de vaina. Se incluyó como testigo comercial el cultivar Blue lake, que el material más sembrado en la región del Sumapaz.

### **8.1.1 Descripción de genotipos a evaluar en las P.E.A.S**

#### **8.1.1.1 *LE 138***

La línea promisorio de habichuela tipo voluble denominada LE 138 fue obtenida por selección de una línea avanzada proporcionada por el CIAT y de la cual se realizaron selecciones masales e individuales por rendimiento, calidad de vaina, tolerancia a antracnosis y con el estudio de la tasa fotosintética se determinó que se adaptaba bien en zonas de alturas inferiores a los 2000 m.s.n.m. Su genealogía es HAV 129XSBB 170/-1P-2P-2P-MP-5P-MP-MP-MQ-MF-MF-3LE-MF.

Es una planta de tipo anual con un periodo vegetativo entre 70 y 90 días de acuerdo a la región donde se siembre. Tiene hábito de crecimiento indeterminado con hábito según clasificación del CIAT (IV-B). Se caracteriza por tener raíces fibrosas penetrantes que pueden engrosar mucho con nódulos distribuidos en las raíces laterales de la parte superior y media; tallos glabros de 0.5-4 m de largo; hojas trifoliadas, folíolos ovados a veces romboide-ovados, ápice deltoide, base redondeada; inflorescencia axilar, en pseudoracimos cortos o alargados, hasta 15 cm de largo; flores con estandarte verde por contener clorofila, alas y quillas blancas, de 1,5 cm de largo, cáliz campanulado, 2-3 mm de largo, estandarte ancho y plano, 1 cm de largo, puberulento por fuera, quilla espiralada; fruto plano, falcado-oblongo, ligeramente túrgido alrededor de las semillas, 3-8 x 1-2 cm, glabro; semillas 2-4, reniformes, comprimidas de color blanco. El número de semilla por vaina oscila entre 5 a 10. El largo de la vaina oscila entre 15 y 18 cm dependiendo del manejo agronómico y de la zona agroecológica donde se siembre (Celis y Fonseca, 2014).

#### **8.1.1.2 *LE 140***

La línea promisorio de habichuela tipo voluble denominada LE 140 procede de una línea avanzada proporcionada por el CIAT y de la cual se realizaron selecciones masales e individuales por rendimiento, calidad de vaina, tolerancia a antracnosis y con la determinación de la tasa fotosintética se determinó que se adaptaba bien en zonas de alturas superiores a los 2000 m.s.n.m. Su genealogía es HAV 129XSBB 170/-3P-1P-1P-MP-6P-MP-MP-MQ-MF-MF-7LE-MF.

Es una planta de tipo anual, con un periodo vegetativo entre 72 y 98 días de acuerdo a la región donde se siembre. Tiene hábito de crecimiento indeterminado con hábito según clasificación del CIAT (IV-A). Se caracteriza por tener raíces fibrosas penetrantes con nódulos distribuidos en las raíces laterales de la parte superior y media, tallos glabros de 0.5-3.5 m de largo; hojas trifoliadas, folíolos ovados ápice deltoide, base redondeada; inflorescencia axilar, en pseudoracimos cortos o alargados, hasta 18 cm de largo; flores con estandarte verde por contener clorofila, alas y quillas blancas ocasionalmente moradas, de 1.5 cm de largo, cáliz campanulado, 2-3 mm de largo, estandarte ancho y plano, 1 cm de largo, puberulento por fuera, quilla espiralada; fruto plano, falcado-oblongo, ligeramente túrgido alrededor de las semillas, 3-8 x 1-2 cm, glabro; semillas 2-4, reniformes, comprimidas de color blanco. El número de semilla por vaina oscila entre 5 a 10. El largo de la vaina oscila entre 14.5 y 19.2 cms dependiendo del manejo agronómico y de la zona agroecológica donde se siembre. (Celis y Fonseca, 2014).

#### **8.1.1.3 *Blue lake- Testigo Comercial***

Domina el país, de amplia adaptación desde 1.000-1.600 m.s.n.m. Con rendimiento: 1.600 kg. /ha (semilla) y 8.000-12.000 kg/ha (legumbre) y un período vegetativo: 50-75 días (legumbre) y 90-100 días (semilla). Características de la vaina: 16-20 cm de largo, 9-10 mm de grosor y Oblonga– redonda.

Es una planta de tipo anual, con un periodo vegetativo entre 50 y 80 días de acuerdo a la región donde se siembre. Tiene hábito de crecimiento indeterminado con hábito según clasificación del CIAT (IV-A). Se caracteriza por tener raíces fibrosas penetrantes con nódulos distribuidos en las raíces laterales de la parte superior y media, tallos glabros de 0.5-3.5 m de largo; hojas trifoliadas, folíolos ovados ápice deltoide, base redondeada; inflorescencia axilar, en pseudoracimos cortos o alargados, hasta 18 cm de largo; flores con estandarte verde por contener clorofila.

Características Agronómicas de crecimiento voluble o de guía, follaje verde claro, flores blancas, vainas grandes, de forma redonda. Tiene un promedio de 7 a 8 granos por vaina siendo difícil su desgrane en estado seco. Se requieren de 30 a 35 kg. /ha de semilla para siembra a mano. Se usan distancias de 90 cm entre surcos, con pares a 50 cm y distancia entre



plantas de 15 a 20 cm. Presenta tolerancia de campo a bacteriosis, mancha angular, oídium y es medianamente susceptible a roya.

## **8.2 Proceso de Mejoramiento genético**

Se inició el Proyecto con once líneas avanzadas de habichuela (*Phaseolus vulgaris*) tipo voluble seleccionadas por el C.I.A.T dentro de un programa que tenía como objetivo producir líneas tolerantes a antracnosis (*Colletotrichum lindemuthianum*). Después de diferentes siembras que incluyeron evaluación de líneas, ensayos de rendimiento, pruebas semicomerciales y pruebas regionales se seleccionaron dos genotipos por alta tolerancia a enfermedades, buenos rendimientos y calidad de vaina. Posteriormente se inició el proceso de purificación de semilla y en este semestre se está obteniendo la semilla básica de los Genotipos.

## **8.3 Diseño experimental**

Se utilizó un diseño de Bloques completos al azar con tres repeticiones en el cual se sembraron los dos genotipos y el testigo comercial en un área de 1.680 metros cuadrados, para cada localidad durante dos épocas en el año 2014. Se utilizaron 3 repeticiones cada una con medida de 15 surcos de 10 metros de largo distanciados un metro.

### **8.3.1 Parámetros evaluados**

La recopilación de datos, se llevó a cabo mediante un muestreo semanal a 10 plantas por genotipo por repetición. Los genotipos se evaluaron tomando como referencia los siguientes parámetros:

- **Días 50% de floración:** cuando el 50% de las plantas mostraron floración
- **Días a cosecha:** cuando se presentaban más del 10% de las plantas con vaina verde, en estado óptimo de cosecha.
- **Número de vainas por planta:** Se contaron todas las vainas que tuvieran por lo menos una semilla viable en cada planta muestreada.
- **Peso de 10 vainas:** se cosecharon 10 vainas del surco central y se pesaron.

- **Rendimiento:** Se cosecharon las vainas de las plantas de los tres surcos, se pesaron y ese dato en kilogramos, se consideró como el rendimiento de vaina fresca por parcela, para luego llevarlo a rendimiento por hectárea.
- **Incidencia de Mildeo Polvoso (*Erysiphe polygoni*):** se determinó la incidencia, empleando el porcentaje de plantas afectadas, tomando el total de plantas por repetición y dividiéndolas por el número de plantas afectadas.
- **Incidencia de Antracnosis (*Colletotrichum lindemuthianum*):** se determinó la incidencia, empleando el porcentaje de plantas afectadas, tomando el total de plantas por repetición y dividiéndolas por el número de plantas afectadas.
- **%de mosca blanca:** a los 35 días se realizó la evaluación siguiendo la metodología reportada por Cardona *et al* (2005). Se hizo una sola medición en la etapa crítica para virosis y mosca blanca, porque la mosca blanca es el vector del virus.

Los datos corresponden a la etapa del cultivo en el cual se ha detectado, tiene más incidencia la Virosis, que corresponde a la etapa de inicio de la floración aproximadamente de 30 a 40 días (después de la siembra del cultivo) en esta evaluación se determinaron algunos síntomas o signos indicativos de cualquier tipo de virus en los materiales evaluados. Además, durante esta misma etapa durante esta evaluación se obtuvo una muestra de 50 foliolos recorriendo el lote en forma de Z, para determinar cuál era el promedio de ninfas observadas durante la evaluación. La obtención de la densidad de población de la mosca es importante, ya que se busca ante todo que no se presenten escapes en los materiales y que la densidad de mosca sea lo más homogénea (Sotelo, 2009).

## 8.4 Modelo estadístico

### 8.4.1 Análisis de varianza

Para cada ambiente se realizó un análisis de varianza, para la variable rendimiento comercial, bajo el diseño de bloques completos al azar (Tabla 2) en base al siguiente modelo estadístico.

$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \epsilon_{ij}$  donde:

$Y_{ij}$ = Producción comercial del j-ésimo tratamiento en la i-ésima repetición.

m= Efecto de la media general del experimento.

bi= Efecto del i-ésimo bloque o repetición.

tj= Efecto del j-ésimo tratamiento.

eij= Error experimental

**Tabla 2.** *Forma de análisis de varianza de bloques completos al azar.*

FUENTES DE VARIACION	G.L.	C.M.
Repetición	r-1	M3
Tratamiento	t-1	M2
Error	(r-1)(t-1)	M1

Después de esto se realizó un análisis de varianza combinado (Tabla 3) para determinar si existía o no varianza genético-ambiental, detectar variabilidad entre genotipos y estimar diferencias entre los ambientes de prueba. La idea es evaluar el efecto que tienen sobre el rendimiento (producción por hectárea) dos variables explicativas o factores que son el Genotipo y el ambiente de siembra, esto es una combinación sitio-época de siembra. Dadas las condiciones del experimento en el que se tienen semillas de tres genotipos en seis combinaciones sitio-semester con tres réplicas en cada una, la idea inicial es utilizar un modelo ANOVA de dos factores con interacción, esto es un modelo aditivo de la forma

$$Y_{ijk} = m + I_i + b_{ji} + t_k + tI_{ik} + \varepsilon_{ijk} \quad ,$$

Donde

$Y_{ijk}$ : Producción comercial del k-ésimo tratamiento en la j-ésima repetición de i-ésima localidad.

$m$ : Efecto de la media general.

$I_i$ : Efecto de la i-ésima localidad

$b_{ji}$ : Efecto de j-ésima repetición anidada en la i-ésima localidad.

$t_k$ : Efecto del k-ésimo tratamiento (genotipo).

$tI_{ik}$ : Efecto de la interacción entre el K-ésimo tratamiento con la i-ésima localidad.

$\varepsilon_{ijk}$ : Error experimental.

**Tabla 3.** *Forma de análisis de varianza de bloques completos al azar combinado sobre localidades.*

FUENTES DE VARIACION	G.L.	C.M.
Ambiente	l-1	M5
Repetición(Ambiente)	(r-1)l	M4
Genotipo	t-1	M3
Amb/Gen	(l-1)(t-1)	M2
Residuo	(r-1)(t-1)	M1

#### 8.4.2 Modelo Eberhart y Rusell

La regresión lineal proporciona un buen modelo para analizar la estabilidad de los tratamientos, es entonces que la regresión simple de la media de un tratamiento sobre la media de los ambientes proporciona una ecuación para cada tratamiento. En dicha ecuación, la pendiente da una media de la estabilidad del tratamiento. Para llevar a cabo esta metodología es necesario que cada uno de los tratamientos este en todos los ambientes.

Finlay y Wilkinson (1963) utilizaron esta metodología para analizar la adaptación de un grupo de variedades de cebada evaluadas en distintas localidades. Analizaron la pendiente de la recta de regresión del rendimiento de cada variedad sobre el rendimiento medio de la localidad.

Al medirse la estabilidad por el coeficiente de regresión, los tratamientos con coeficiente de regresión mayor que uno ( $b > 1$ ) indicarían un comportamiento mejor en condiciones favorables con respecto al rendimiento medio del sitio, mientras que si  $b = 0$  sugerirían ninguna variabilidad del tratamiento como respuesta al cambio de ambiente (tabla 5).

Eberhart y Rusell (1966) continuaron con el desarrollo de esta técnica. Considerando que un estudio de las pendientes no es suficiente para determinar la estabilidad, tendría que entrar en el estudio también la media de cada variedad. Así las variedades con pendientes cercanas a 1 y alta media se considerarían bien adaptadas a todos los ambientes. Consecuentemente, un tratamiento se consideraría más adaptado o estable si tiene un alto rendimiento y baja fluctuación del mismo en los diferentes ambientes.

En si lo que se quiere es partir la interacción tratamiento por ambiente en dos partes, la primera es la respuesta de los diferentes tratamientos a los diferentes índices ambientales (heterogeneidad de los coeficientes de regresión o regresión de tratamientos por ambientes) y la segunda las desviaciones en las regresiones. El análisis de varianza utilizado para este modelo de Eberhart y Russell se presenta en la tabla 4.

**Tabla 4.** *Análisis de varianza utilizado para este modelo de Eberhart y Russell*

Fuente	GL	SC	CM
Total	$nv - 1$	$\sum_i \sum_j Y_{ij}^2 - FC$	
Variedades (V)	$v - 1$	$\frac{1}{n} \sum_i Y_i^2 - FC$	$CM_1$
Ambientes (Amb) V x Amb	$\frac{n - 1}{(v - 1)(n - 1)}$	$\sum_i \sum_j Y_{ij}^2 - \sum_i Y_i^2 / n$	
Ambiente (Lineal)	1	$\frac{1}{v} \left( \sum_j Y_{ij} I_j \right)^2 / \sum_i I_j^2$	

V x Amb lineal	$v - 1$	$\sum_i \left[ \frac{(\sum_j Y_{ij} I_j)^2}{\sum_i I_j^2} \right] Amb(lineal)SC$	$CM_2$
Desviaciones ponderadas (conjunta)	$v(n - 2)$	$\sum_i \sum_j \delta_{ij}^2$	$CM_3$
Variedad 1 . . . Variedad v	$n - 2$ . . . $n - 2$	$\left[ \sum_j Y_{ij}^2 - \frac{(Y_i)^2}{n} \right] - \left( \sum_j Y_{ij} I_j \right)^2 / \sum_j I_j^2$	
Error ponderado	$n(r - 1)(v - 1)$	$\left[ \sum_j Y_{ij}^2 - \frac{Y_{vj}^2}{n} \right] - \left( \sum_j Y_{vj} I_j \right)^2 / \sum_j \delta_{vj}^2$	

Se quiere utilizar el modelo de Eberhart y Rusell para observar la interacción (GxA) de cada uno de los genotipos en los diferentes ambientes. Se describe como

$$Y_{ge} = \mu_g + \beta_g I_e + \delta_{ge}$$

$Y_{ge}$ : promedio del genotipo g en el ambiente i

$\mu_g$ : promedio del genotipo g en todos los ambientes

$\beta_g$ : Coeficiente de regresión que mide la respuesta del genotipo g al variar los ambientes.

$I_e$ : Índice ambiental obtenido como la diferencia entre la media de todas los genotipos en el ambiente j menos la media general.

$\delta_{ge}$ : Desviación de la regresión

Se realizó un análisis de estabilidad de los genotipos a través del análisis individual de los mismos con respecto al índice ambiental utilizando regresión lineal. (Finlay & Wilkinson, 1963; Eberhart & Russell, 1966) definieron el índice ambiental como el rendimiento promedio de los genotipos en cada ambiente menos el promedio de todos los genotipos en todos los ambientes y el coeficiente de regresión que resulta de este análisis de regresión para cada uno de los casos se toma como una medida de la estabilidad de los genotipos a lo largo de los ambientes analizados y el rendimiento promedio es una medida de adaptabilidad. Así, cuando los genotipos presentan coeficientes de regresión iguales a uno, se los consideran de estabilidad media.

Cuando se asocian a promedios altos, se consideran de adaptabilidad general, en caso contrario son considerados poco adaptados. Según estos autores el mejor cultivar es aquel que presenta el mayor rendimiento medio (promedio del genotipo en todos los ambientes evaluados) y la estabilidad promedio (coeficiente de regresión,  $b=1$ ).

Los genotipos con coeficientes de regresión mayores que uno ( $b>1$ ), se adaptarían específicamente a los ambientes con mayores promedios (ambientes favorables), mientras que, con coeficientes de regresión menores que uno ( $b<1$ ) se dice que se adaptan específicamente a los ambientes con promedios bajos (ambientes desfavorables). Eberhart & Russell (1966) propusieron analizar las desviaciones de la regresión ( $S^2_d$ ) de cada variedad como indicativas del grado de confiabilidad de la respuesta lineal estimada. La misma caracteriza cuán predecible es un genotipo a través de los ambiente.

En la tabla 5 se presenta un resumen detallado del significado de los parámetros de estabilidad obtenidos por la metodología de Eberhart y Russell.

**Tabla 5.** Interpretación de los parámetros de estabilidad por la metodología Eberhart y Russell.

Parámetro	Interpretación
$\hat{\beta} > 1$	Es un genotipo bueno, el cual se adapta a ambientes favorables.

$\hat{\beta} = 1$	Estabilidad media. Promedio alto: adaptabilidad general. Promedio bajo: Pobre adaptabilidad
$\hat{\beta} < 1$	Resistencia a cambios ambientales. Recomendados para ambientes de bajo potencial o con algún tipo de estrés.
$\hat{\beta} = 0$	Estabilidad absoluta. Si tiene un promedio alto: genotipo ideal
$S^2 = 0$	Buena estabilidad (consistente).
$S^2 > 0$	Mala estabilidad (inconsistente)

$\beta$  y  $S^2$  = Coeficiente de regresión y desviaciones de regresión, respectivamente.

#### 8.4.3 Modelo de los Efectos Aditivos Principales e Interacciones Multiplicativas (Modelo AMMI)

Este modelo considera como efectos aditivos principales el genotipo y ambiente mediante el análisis de varianza y la interacción (GxA) como efecto multiplicativo por medio de un análisis multivariado de componentes principales (CP), según (Crossa *et al.*, 1990). (Bernardo, 2002), explica que el análisis de CP transforma los datos originales en combinaciones lineales, siendo no correlacionadas entre sí y agrega que el primer CP debe explicar un alto porcentaje de la variación de los datos para ser útil, en otras palabras los primeros ejes de los CP deben capturar la mayor varianza de la interacción (GxA) ; caso contrario, el análisis pierde eficiencia en agrupar ambientes dentro de subgrupos homogéneos. El modelo que describe la respuesta media de un genotipo  $i$  en un ambiente  $j$  del análisis AMMI de (Zobel *et al.* 1988) y actualizado por (Bernardo 2002).

Para la estimación conjunta considerando los efectos principales con un modelo aditivo y la interacción con un modelo multiplicativo se utilizara el modelo de efecto principales aditivos con interacción multiplicativa o modelo AMMI (Additive Main effects and Multiplicative Interaction) el cual combina el ANOVA como modelo aditivo para los efectos principales y las componentes para analizar la estructura multiplicativa de la interacción, la forma funcional de este modelos AMMI es entonces:



$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k y_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

$Y_{ij}$ : Es la respuesta media de un genotipo i en un ambiente j.

$\mu$ : Es la media general de las observaciones (Su estimación se hace por medio de  $\hat{\mu} = \bar{Y}..$ ).

$g_i$ : Es el efecto del genotipo i (Desvío respecto al promedio general del genotipo i, y se estima a través de  $\hat{g}_i = \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}..$ ).

$e_j$ : Es el efecto del ambiente j (Desvío respecto al promedio general del ambiente j, y se estima por medio de  $\hat{e}_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}..$ ).

$\lambda_k$ : Es el valor propio del eje k de componentes principales.

$y_{ik}$ : Son los vectores propios unitarios genotípicos asociados a  $\lambda_k$ .

$\alpha_{jk}$ : Son los vectores propios unitarios ambientales asociados a  $\lambda_k$ .

$\varepsilon_{ij}$ : Error del genotipo i en el ambiente j.

$p$ : Número de ejes de componentes principales considerados en el modelo AMMI.

El modelo de regresión sobre sitios (SREG) está dado por:

$$Y_{ij} = \mu_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k y_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

$Y_{ij}$ : Es la respuesta media de un genotipo i en un ambiente j.

$\mu_j$ : Media del ambiente j para todos los genotipos y en este modelo se estima por medio de.

$$\mu_j = \bar{Y}_{.j}$$

$\lambda_k$ : Es el valor propio del eje k de componentes principales.

$y_{ik}$ : Son los vectores propios unitarios genotípicos asociados a  $\lambda_k$ .

$\alpha_{jk}$ : Son los vectores propios unitarios ambientales asociados a  $\lambda_k$ .

$\varepsilon_{ij}$ : Error del genotipo  $i$  en el ambiente  $j$ .

$p$ : Número de ejes de componentes principales considerados en el modelo SREG.

El análisis AMMI es un estimador mejorado del comportamiento de un genotipo en un ambiente, permitiendo calcular un efecto particular de la interacción (GxA) para todos los genotipos considerados. El genotipo con el menor valor absoluto es calificado como el más estable. A partir del primer componente principal, caso sea significativo y representativo (70%) de la interacción, se considera que concentra la mayor varianza en (GxA), siendo posible generar un gráfico (Biplot o doble representación) con las variables medidas, que representa las similitudes (grupos homogéneos) de genotipos y de ambientes.

Se puede construir un modelo que solo sólo estima los efectos aditivos de genotipos y ambientes sin incluir en el modelo ningún componente principal, es decir, un análisis de la varianza simple (AMMI0). El AMMI1 que combina los efectos aditivos del AMMI0 con el efecto de interacción GxA estimado por IPCA y los modelos AMMI2, AMMI3, AMMI4..., que se obtienen incluyendo todos los componentes principales que pueda incluir el modelo.

Para evaluar el rendimiento de la producción de los tres diferentes genotipos de habichuelas (BL, 138, 140) sembradas en seis ambientes diferentes (L1S1, L1S2, L2S1, L2S2, L3S1, L3S2) correspondientes a la combinación de tres localidades: Guavio Bajo, Fusagasuga (L1); Guchipas, Pasca (L2) y Arabia, Arbelaez (L3) en dos épocas/semestres (S1, S2) en las cuales se va a aplicar análisis de varianza, la metodología Eberhart y Rusell, análisis de componentes principales y modelo AMMI.

#### 8.4.4 Grafico Biplot<sup>1</sup>

Los métodos Biplot como toda técnica del Análisis Multivariante, tiene como objetivo representar la información contenida en una matriz de datos en un espacio de menor dimensión, generalmente el plano, con la menor pérdida de información.

Por tanto los datos de partida para la construcción de un BIPLLOT, están contenidos en una matriz que denominaremos  $X$  de orden  $(I \times J)$  y de rango  $r$ , en general las  $I$  filas corresponden a los individuos y las  $J$  columnas a las variables.

La fundamentación teórica de los Biplots Clásicos, se basa en la aproximación de la matriz de datos  $X$  por una de menor rango  $q$ , siendo  $q < r$ , a través de la Descomposición en Valores Singulares de  $X$ . Se realiza luego, una factorización en matrices de marcadores filas y de marcadores columnas de manera que el producto escalar entre los marcadores aproxime “lo mejor posible” los valores de  $X$ .

Si la matriz  $X$  es de rango dos, es posible lograr una representación exacta sobre el plano. Cuando el rango de  $X$  es mayor a dos, entonces la factorización Biplot garantiza la representación gráfica aproximada de dicha matriz.

**Definición:** Un Biplot para una matriz de datos  $X$   $(I \times J)$  es una representación gráfica mediante marcadores (vectores):  $a_1, a_1, \dots, a_I$  para las filas y  $b_1, b_2, \dots, b_J$  para las columnas de  $X$ , de forma tal que el producto interno aproxime el elemento  $x_{ij}$  de la matriz de partida lo mejor posible.

Si consideramos los marcadores  $a_1, a_1, \dots, a_I$  como filas de una matriz  $A$  y los marcadores  $b_1, b_2, \dots, b_J$  como filas de una matriz  $B$ , entonces podemos escribir:

$$X \cong AB'$$

---

<sup>1</sup> La teoría de biplot que se presenta a continuación fue tomada del trabajo de grado de E. Frutos. Interacción genotipo – ambiente: GEE biplot y modelos AMMI. Universidad de salamanca. 2011 - paginas 16-28

Tanto los marcadores  $a_i$  para las filas, como los marcadores  $b_j$  para las columnas estarán representados en un espacio de dimensión  $q \leq r$ , siendo  $q$  el número de ejes retenidos y  $r$  el rango de  $X$ .

La factorización Biplot garantiza la representación gráfica aproximada de la matriz, ya que cada  $x_{ij}$  puede reconstruirse de la siguiente forma:

$$x_{ij} = a_i b_j \quad (i = 1, \dots, I ; j = 1, \dots, J)$$

Considerando la aproximación Biplot de los elementos de la matriz  $X$  y aplicando la definición de producto escalar tenemos que:

$$x_{ij} = a_i b_j = \| \text{Proy}(a_i / b_j) \| (\text{signo}) \| b_j \|$$

Siendo:

$\| \text{Proy}(a_i / b_j) \|$  = Longitud de la proyección de  $a_i$  sobre  $b_j$

$\| b_j \|$  = Módulo del segmento que une el origen con el extremo del vector  $b_j$

Por tanto el problema ahora radica en obtener los marcadores para las filas y columnas de  $X$ , es decir obtener las matrices de marcadores  $A$  y  $B$ .

#### 8.4.4.1 Obtención de los marcadores

El objetivo por tanto es encontrar una matriz  $X_{(q)} = A_{(q)} B_{(q)}$  de rango  $q$  que aproxime lo mejor posible a  $X$ , en el sentido de los mínimos cuadrados, es decir  $X_{(q)}$  debe minimizar la siguiente expresión:

$$\sum_i \sum_j (x_{ij} - x_{(q)ij})^2 = \text{traza}[(X - X_{(q)})(X - X_{(q)})]$$

Para todas las matrices  $X_{(q)}$  de rango  $q$  o menor.

El método más conocido para aproximar una matriz a bajo rango es el propuesto por ECKART y YOUNG (1936, 1939), Se basa en la descomposición en valores y vectores singulares de la matriz que deseamos aproximar:

$$X = UDV'$$

Siendo:

$X$  (I x J): la matriz de datos.

$r$ : es el rango de  $X$  ( $r \leq \min(I, J)$ )

$U$  (I x r): la matriz cuyas columnas contienen los vectores propios de  $XX'$

$V$  (J x r): la matriz cuyas columnas contienen los vectores propios de  $X'X$

$D$  (r x r): matriz diagonal que contiene los valores propios de  $X$ .

Debe cumplirse que  $UU' = VV' = I'$  es decir, las columnas de  $U$  y  $V$  son ortonormales para garantizar así la unicidad de la factorización.

Por lo tanto, la mejor aproximación de  $X$  en rango  $q$   $X_{(q)}$  es:

$$x_{(q)ixj} = U_{(q)ixq} D_{(q)qxq} V'_{(q)qxj}$$

Donde  $U_{(q)} V_{(q)}$  son las matrices construidas con las  $q$  primeras columnas de  $U$  y  $V$  respectivamente, mientras que  $D_{(q)}$  es la matriz diagonal que contiene los  $q$  mayores valores singulares distintos de cero de  $X$  ( $\lambda_K$ ).

Por lo tanto:

$$X = AB' = UDV'$$

La selección de distintas factorizaciones conduce a distintos marcadores y por ende a distintos Biplots. En el caso de la métrica identidad, se pueden elegir los marcadores de acuerdo a los distintos valores de  $\gamma$  en la siguiente descomposición:

$$A = UD^\gamma B = VD^{1-\gamma}$$

Dependiendo del valor seleccionado para  $\gamma$  ( $\gamma = 0, 1, \frac{1}{2}$ ) tenemos los Biplots Clásicos de GABRIEL (1971): el GH-Biplot, el JK-Biplot y el SQRT-Biplot respectivamente.

#### **8.4.4.2 Representaciones Biplot: Interpretación de los resultados**

Los Métodos Biplot, como todo método del Análisis Multivariante, presentan los resultados del análisis en un subespacio que, generalmente, es de dimensión dos, aunque la configuración inicial sea de dimensión mayor. Por ello en primer lugar es importante elegir correctamente el número de ejes a retener para obtener una representación adecuada en dimensión reducida.

Suponiendo que hemos seleccionado correctamente el número de ejes para poder explicar en forma adecuada los datos originales es importante realizar una buena interpretación de los resultados. Para ello es importante tener en cuenta las propiedades de los marcadores, la interpretación geométrica y ciertos índices o medidas de bondad de aproximación.

#### **8.4.4.3 Interpretación geométrica**

En las representaciones Biplot, las filas de la matriz de marcadores filas y las columnas de la matriz de marcadores columna, son coordenadas de puntos en un espacio euclídeo referido a los mismos ejes ortogonales. Por lo tanto la interpretación geométrica está basada en conceptos geométricos simples, más específicamente en la proyección sobre una representación plana, de las características principales de las filas y columnas de una cierta matriz  $X$  ( $I \times J$ ).

Los marcadores columnas,  $b_j$  se representan como vectores. Los marcadores  $a_i$  se representan como puntos. Esta forma de representar ambos marcadores facilita la proyección de los marcadores  $a_i$  (filas) sobre el marcador columna  $b_j$ . La dirección de los vectores  $b_j$  representa la dirección en la que aumentan los valores de la variable correspondiente, y las proyecciones de todos los puntos fila  $a_i$  sobre un vector columna en particular, reproducen aproximadamente los elementos de la columna  $j$ -ésima en la matriz original, permitiendo al mismo tiempo una ordenación aproximada de los individuos (filas) respecto a esa variable en particular.

Definida entonces la forma de representación de marcadores filas y columnas, se interpretara así:

1. La distancia entre individuos como disimilaridades entre los mismos, esto es a una menor distancia entre marcadores fila sobre el Biplot le corresponderá una menor disimilaridad entre los individuos; especialmente si los individuos están bien representados.
2. En el GH-Biplot interpretaremos la variabilidad y correlación de las variables, a través de las longitudes y ángulos de los vectores que las representan. En el JK-Biplot no podemos hacer este tipo de interpretación para las variables, aunque las coordenadas nos darán una idea aproximada de cuál es la relación con los ejes.
3. Las relaciones entre individuos y variables en términos de producto escalar, o sea a través de las proyecciones de los puntos individuos sobre los vectores que representan a las variables.
4. La ordenación de los individuos respecto a una variable en particular, a través del orden encontrado en las proyecciones de los marcadores fila sobre el eje determinado por el marcador columna correspondiente a esa variable.

#### **8.5 Protocolo desarrollado en el trabajo que sirve como base para la selección de genotipos de plantas de ciclo anual.**

Se realiza un estudio descriptivo de las variables estudiadas, utilizando tablas de contingencia que permita determinar el comportamiento de la variable en cada uno de los ambientes y genotipos, además de realizar una prueba de comparación de medias.

Para cada ambiente se realizó un análisis de varianza, para la variable rendimiento que permite determinar cuál de ellas presentan o no diferencias significativas.

Se realizó un análisis de la variancia conjunta para la variable rendimiento, para observar efectos significativos al 1% de probabilidad del error para los genotipos, ambientes e interacción genotipo-ambiente.

Se estimaron los parámetros de adaptabilidad (coeficiente de regresión lineal (b) y estabilidad (desvíos de la regresión (d) mediante el método de Eberhart e Russel (1966). Para utilizar este método se requiere que un grupo completo de genotipos sea probado en cuanto a su comportamiento en un grupo también completo de ambientes.

Se considera que el comportamiento promedio de todos los genotipos en cada uno de los ambientes es considerado como el índice ambiental.

Por ultimo aplicar el método de análisis multivariado de los Efectos Aditivos Principales e Interacciones Multiplicativas (Modelo AMMI), La interpretación de los resultados del análisis AMMI es de mayor facilidad con la representación gráfica (gráfico biplot), en el mismo espacio, de los genotipos y los ambientes.



## 9 DESARROLLO Y RESULTADOS

### 9.1 Días a floración

**Tabla 6.** Comparación de medias para semestres, en las P.E.A.S para dos genotipos de habichuela y un testigo comercial, región del Sumapaz 2014.

SEMESTRES	Días Floración	Días cosecha	No vainas*Planta	Peso de 10 vainas	Rendimiento Vaina verde
<b>Primero</b>	(1)50.00 a	(1)78.59 a	(2)88.44 b	122.37 a	217.41 a
<b>Segundo</b>	(2)45,30 b	(2)75.11 b	(1)103.22 a	122.93 a	216.44 a
<b>Promedio</b>	47,65	76,85	95,83	122,65	216,93
<b>DMS</b>	0.796	2.472	16.775	29.229	14.1545

( ) Indica el lugar ocupado por el Semestre. Medias con la misma letra en sentido vertical son estadísticamente iguales con P 0.05 (Tukey). DMS= Diferencia Mínima Significativa. Promedio de tres localidades.

En la tabla 7 se presenta las DMS entre las localidades y se observa que la localidad de Guchipas presenta el valor medio mayor con 59 días, seguido de Guavio bajo y Arabia, además se evidencia que estas tres localidades difieren estadísticamente lo que quiere decir que el comportamiento en cada localidad es diferente, en otras palabras no son similares entre sí. Las condiciones diferentes de las localidades especialmente suelo y clima, aportan estas diferencias en la característica

**Tabla 7.** Comparación de medias para localidades, en las P.E.A.S para dos genotipos de habichuela y un testigo comercial, región del Sumapaz 2014.

LOCALIDADES	Días Floración	Días cosecha	No vainas*Planta	Peso de 10 vainas	Rendimiento Vaina verde
<b>Guavio bajo</b>	(2)42.28 b	(2) 72.06 b	93.56 b	(1)127.72 a	(2) 235.50 a
<b>Guchipas</b>	(1)59.83 a	(1) 87.44 a	107.61 a	(2)124.17 a	(1) 236.39 a
<b>Arabia</b>	(3)40.83 c	(3) 71.06 b	86.33 c	(3)116.06 b	(3) 178.89 b
<b>Promedio</b>	47,65	76,85	95,83	122,65	216,93

<b>DMS</b>	13.361	41.482	28.152	49.053	237.546
------------	--------	--------	--------	--------	---------

---

( ) Indica el lugar ocupado por la localidad. Medias con la misma letra en sentido vertical son estadísticamente iguales con P 0.05 (Tukey). DMS= Diferencia Mínima Significativa. Promedio de tres localidades.

En la (tabla 1) se observa algunas características de las localidades y se puede observar que Pasca presenta una altura sobre el nivel del mar de 1.810 metros que supera por más de 500 metros a Fusagasugá y más de 600 a Arbeláez, por consiguiente las condiciones de clima son diferentes en temperaturas promedios, en luminosidad y en precipitación que ocasiona que la floración en los genotipos sea más tardía.

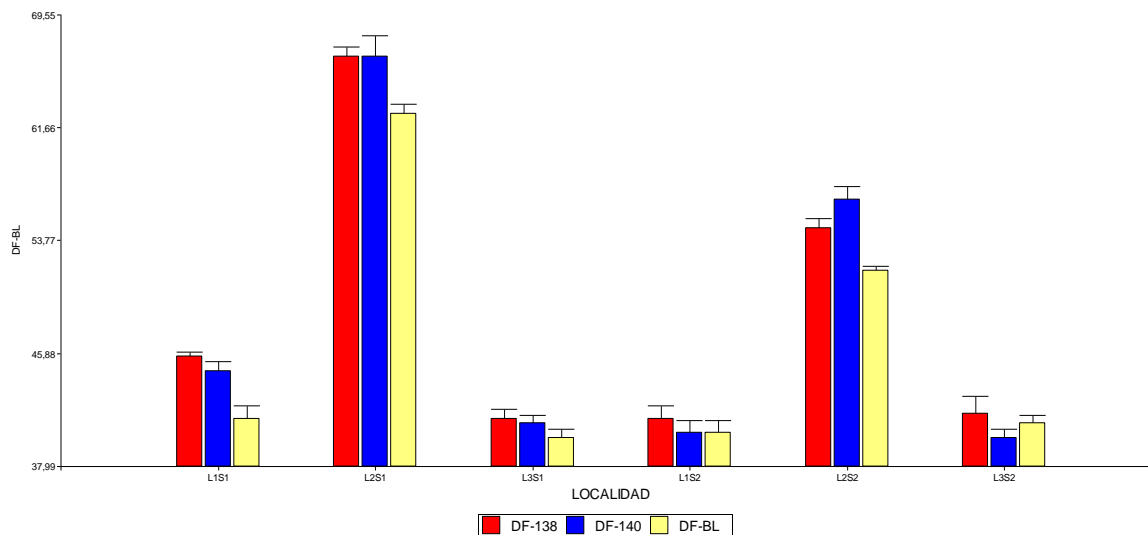
Se realizó una comparación de medias según Tukey (tabla 8) para los tres genotipos que se estudiaron, permitiendo determinar que los Genotipos LE 140 y LE 138 no presentan diferencias entre si y los valores son de 48.2 y 48.6 días a floración respectivamente. Ahora el genotipo denominado Blue lake es el menor de los tres ya que tan solo presenta un 46,17 días de floración y presenta diferencias con los otros dos genotipos este efecto es de tipo genético, que se observa en los fenotipos.

**Tabla 8.** Comparación de medias para Genotipos, en las P.E.A.S para dos genotipos de habichuela y un testigo comercial, región del Sumapaz 2014.

<b>GENOTIPO</b>	<b>Días Floración</b>	<b>Días cosecha</b>	<b>No vainas*planta</b>	<b>Peso de 10 vainas</b>	<b>Rendimiento Vaina verde</b>
<b>LE 138</b>	(1) 48.56 a	(1)77.89 a	(2) 98.83 b	(3)113.22 c	(2) 221.11 b
<b>LE 140</b>	(2) 48.22 a	(2) 76.78 a	(1)111.22 a	(2)120.11 b	(1) 250.50 a
<b>BLUE LAKE</b>	(3) 46.17 b	(3)75.89 a	(3) 77.44 c	(1)134.61 a	(3) 179.17 c
<b>Promedio</b>	47,65	76,85	95,83	122,65	216,93
<b>DMS</b>	1.336	41.482	28.152	49.053	237.546

( ) Indica el lugar ocupado por el Genotipo. Medias con la misma letra en sentido vertical son estadísticamente iguales con P 0.05 (Tukey). DMS= Diferencia Mínima Significativa. Promedio de tres localidades.

Se presenta un gráfico que muestra la Interacción semestre\*localidad (Figura 5) la cual evidencia una diferencia entre semestres por las diferentes localidades, cabe destacar que en las localidades Guavio bajo y Guchipas los días de floración disminuyeron considerablemente de un semestre a otro independiente del genotipo que se esté tratando, siendo más pronunciada la de Guchipas.



**Figura 1.** Interacción semestre\*localidad para D.F para tres genotipos de habichuela, región del Sumapaz 2014.

La (tabla 9) presenta los resultados de días de floración (DF) en los seis ambientes estudiados, mostrando una variabilidad mayor en el primer semestre en L1 y L2, además de tener un rango de 4 días en ambas localidades. De igual forma el testigo comercial (BL) presento floración más temprana en las tres localidades de estudio. Mientras que el genotipo que se tardó más en la floración fue el 138 en las tres localidades, igualando en L2S1 con el genotipo 140.

**Tabla 9.** Días de floración para dos genotipos de habichuela y un testigo comercial en seis ambientes de la región del Sumapaz 2014.

	L1S1	L2S1	L3S1	L1S2	L2S2	L3S2
<b>BL</b>	41,33	62,67	40,00	40,33	51,67	41,00
<b>138</b>	45,67	66,67	41,33	41,33	54,67	41,67
<b>140</b>	44,67	66,67	41,00	40,33	56,67	40,00
<b>TOTAL</b>	131,67	196,00	122,33	122,00	163,00	122,67
<b>Media</b>	43,89	65,33	40,78	40,67	54,33	40,89
<b>Rango</b>	4,33	4,00	1,33	1,00	5,00	1,67
<b>Desviación</b>	2,27	2,31	0,69	0,58	2,52	0,84

En el segundo semestre la localidad L1 presento menor variabilidad, mientras que fue más elevada para L2 y L3, además la diferencia de días a floración entre los genotipos en las localidades fue de 1 a 5 días. Por otro lado se logra determinar en este semestre los genotipos

fueron más tardíos en floración en las localidades L1 y L2, presentando una igualdad en la tercera localidad con un promedio de 41 días. Los promedios fluctuaron entre los 41 y 54 días. Sigue en el segundo semestre el testigo comercial mostrando una floración más temprana en las dos primeras localidades, oscilando entre los 40 y 51 días. Normalmente este carácter está ligado a las condiciones ambientales.

## **9.2 Días de cosecha**

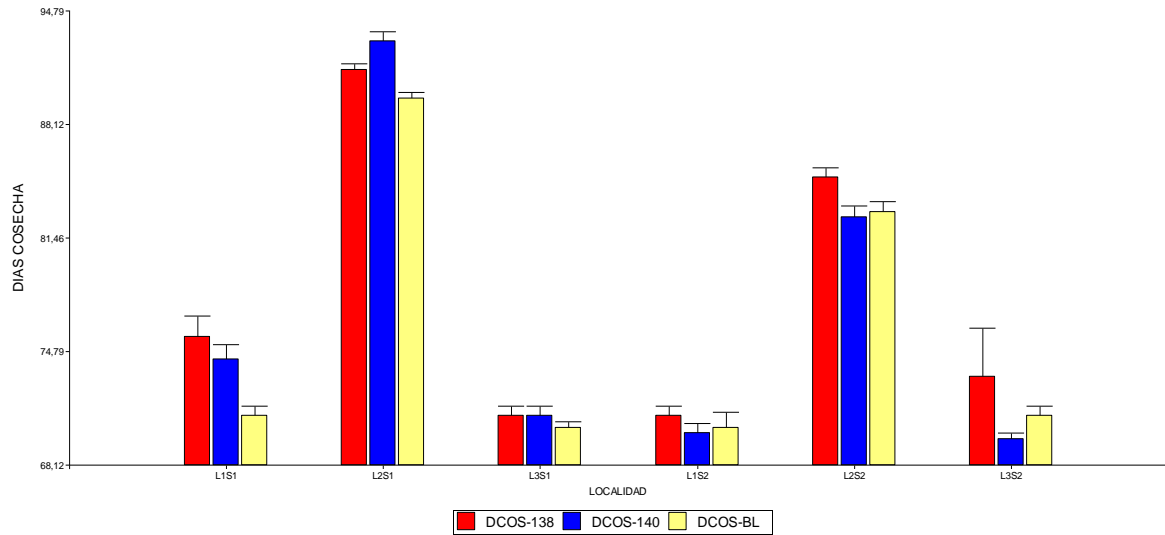
Esta característica mostro que está afectada por semestre de siembra, localidad de siembra y genotipos evaluados. Igualmente todas las interacciones interactúan y causan aceleración en el proceso de cosecha de vainas verdes en los genotipos evaluados reportes similares fueron reportados en la evaluación de genotipos de frijol por Rosales *et al* (1998).

Al comparar los semestres (tabla 6) se evidencia a misma tendencia de la variable días de floración la cual es que el segundo semestre presenta 75 días, tres menos que el primer semestre, además que se no se presenta una similitud en los días de cosecha por cada semestre.

Ahora en la comparación entre localidades se aprecia en la (tabla 7) un comportamiento mayor respecto a los D.C en Guchipas (localidad 2) el cual difiere estadísticamente de Guavio Bajo (localidad 1) y Arabia (localidad 3) los cuales presentan periodo de cosecha similar, porque las condiciones ambientales son muy semejantes.

Las diferencias mínimas significativas entre genotipos (tabla 8), mostraron que los tratamientos LE 138, LE 140 y el testigo Blue lake no presentan diferencias entre si y los valores son de 77.89 y 76.78 y 75.89 en días de cosecha respectivamente.

Se presentan las interacciones (figura 2), la cual permite determinar que en el primer semestre el genotipo que mostro el menor tiempo de cosecha fue Blue lake, mientras que el segundo semestre lo presento LE 140, además se observa que entre semestres la localidad que mostro mayor cambio fue Guchipas la cual es la que presenta mayor periodo de cosecha.



**Figura 2.** Interacción semestre\*localidad para D.C en tres genotipos de habichuela, región del Sumapaz 2014.

Esta variable permite observar una mayor variación en el primer semestre de las localidades L1 y L2, con diferencia entre genotipos de 1 a 5 días, caso contrario en el segundo semestre que presenta una oscilación de 1 a 4 días aproximadamente (Tabla 10).

En el primer semestre se evidencia que el genotipo con mayor precocidad en los tres ambientes fue el testigo comercial (BL), mientras que en el segundo semestre se presentó el genotipo más precoz en los tres ambientes el 140 y además el genotipo más tardío en todos los ambientes fue el 138 en este tiempo. Según algunos autores el periodo vegetativo más tardío en genotipos pueden incrementar los rendimientos, pues hay mayores posibilidades de elaborar fotosintatos para el llenado de las vainas, que a su vez inciden en el rendimiento de vaina verde. Resultados similares reportaron en maíz, Preciado et al (1997) que afirman que los genotipos menos rendidores tuvieron una tendencia hacia periodos de llenado de grano más cortos en comparación con el periodo de siembra a antesis

**Tabla 10.** *Días de cosecha para dos genotipos de habichuela y un testigo comercial en seis ambientes de la región del Sumapaz 2014.*

	<b>L1S1</b>	<b>L2S1</b>	<b>L3S1</b>	<b>L1S2</b>	<b>L2S2</b>	<b>L3S2</b>
<b>BL</b>	71,00	89,67	70,33	70,33	83,00	71,00
<b>138</b>	75,67	91,33	71,00	71,00	85,00	73,33
<b>140</b>	74,33	93,00	71,00	70,00	82,67	69,67
<b>TOTAL</b>	221,00	274,00	212,33	211,33	250,67	214,00
<b>Media</b>	73,67	91,33	70,78	70,44	83,56	71,33
<b>Rango</b>	4,67	3,33	0,67	1,00	2,33	3,67
<b>Desviación</b>	2,40	1,67	0,38	0,51	1,26	1,86

Además se puede concluir que los días de cosecha para la primera localidad está entre los 70 a 76 días, para la localidad dos entre los 83 a 93 días y por último la tercera es más homogénea ya que presenta un tiempo de 70 a 74 días para el día de cosecha. Posiblemente las condiciones ambientales fueron más estables en los dos semestres en la localidad tres (Arbelaez)

### **9.3 Número de vainas por planta**

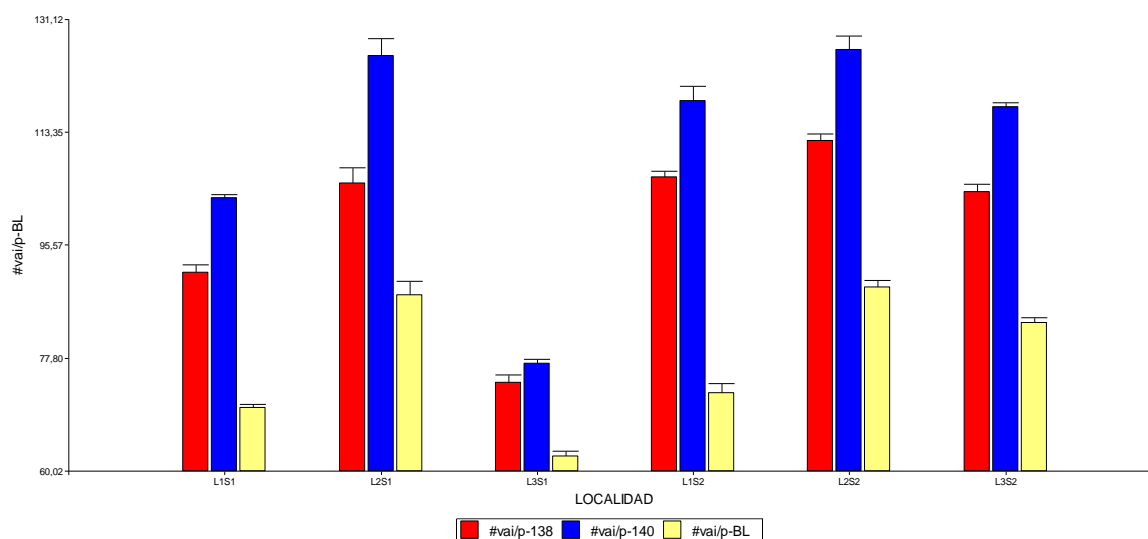
Esta característica es uno de los principales componentes de rendimiento y es afectada por condiciones ambientales, suelo, temperatura y precipitación. Estos factores influyen en la expresión de la media del rendimiento de cada genotipo. Según López y Ligarreto (2006) el carácter número de vainas por planta es el de mayor importancia sobre la determinación del rendimiento en frijol.

Para observar la comparación entre los semestres (tabla 6), se puede evidenciar que el valor más alto correspondió al segundo semestre con 103.22 vainas por planta muy superior las del primer semestre que tan solo muestra un valor de 88.44 vainas por planta, lo anterior debido a que las condiciones ambientales que se presentaron en el primer semestre afectaron esta característica.

La comparación entre localidades se aprecia en la (tabla 7) y se observa que el valor más alto se presentó en Guchipas con 107.61 y el menor en Arabia con un valor de 86.33 vainas por planta. Además todas las localidades difieren estadísticamente.

En la tabla 8 se puede apreciar la DMS entre los Genotipos y se puede distinguir que difieren estadísticamente y además que el valor más alto corresponde a LE 140 con un valor de 111.22 y el menor de ellos es el Blue lake con 77.44. De acuerdo con algunos reportes LE 140 y LE 138 superan al testigo en diferentes ensayos de evaluación realizados.

Para la interacción semestre\*localidad (figura 3) se observa que los valores más altos los presenta el genotipo LE140 en todos los ambientes, caso contrario con el Blue lake el cual es el menor, de igual forma la localidad Guchipas presenta mayor peso de vainas en todo el estudio.



**Figura 3.** Interacción semestre\*localidad para VP en tres genotipos de habichuela, región del Sumapaz 2014.

La localidad L2 presento un mayor promedio en número de vainas por planta con 106,1 y 109,1 en el primero y segundo semestre respectivamente, seguido en el primer semestre con un promedio en número de vainas por 88,1 de la localidad uno y en el segundo semestre L3 con una media de 101,6 (Tabla 11). Las condiciones favorables de suelo y factores ambientales como precipitación y temperatura, favorecieron la expresión de esta característica en la localidad dos (Pasca).

**Tabla 11.** *Número de vainas por planta para dos genotipos de habichuela y un testigo comercial en seis ambientes de la región del Sumapaz 2014.*

	<b>L1S1</b>	<b>L2S1</b>	<b>L3S1</b>	<b>L1S2</b>	<b>L2S2</b>	<b>L3S2</b>
<b>BL</b>	70,0	87,7	62,3	72,3	89,0	83,3
<b>138</b>	91,3	105,3	74,0	106,3	112,0	104,0
<b>140</b>	103,0	125,3	77,0	118,3	126,3	117,3
<b>TOTAL</b>	264,3	318,3	213,3	297,0	327,3	304,7
<b>Media</b>	88,1	106,1	71,1	99,0	109,1	101,6
<b>Rango</b>	33,0	37,7	14,7	46,0	37,3	34,0
<b>Desviación</b>	16,7	18,8	7,7	23,9	18,8	17,1

Es importante determinar que en todas las localidades el genotipo 140 supero significativamente en el número de vainas por planta oscilando entre las 77 a 126 vainas a los genotipos 138 y BL. Por otro lado el segundo semestre presento una mayor variabilidad con excepción de la localidad dos que no tuvo cambios significativos.

#### **9.4 Peso de 10 vainas**

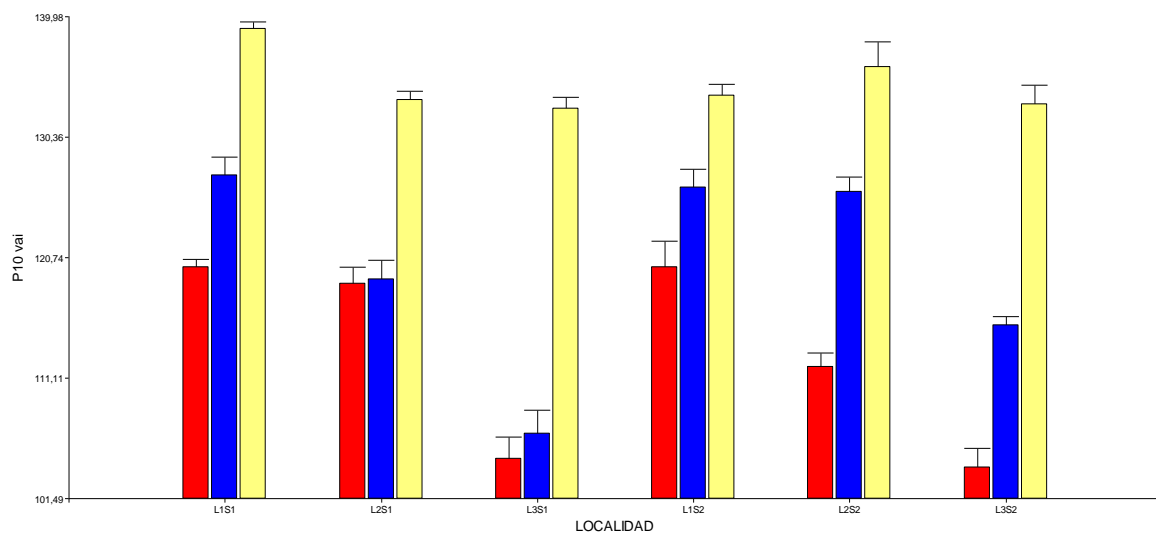
En la tabla 6 permite ver que no existen diferencias significativas entre semestres para la variable peso de 10 vainas.

La comparación entre localidades se aprecia en la tabla 7 y se observa que las localidades Guavio bajo (localidad 1) y Guchipas (localidad 2) presentan valores de 127.72 y 124.17 gr; además se evidencia que la localidad Arabia (localidad 3) con 116.06 gr difiere a nivel estadístico de las anteriores. Esto lleva a concluir que las condiciones ambientales menos favorables de esta localidad incidieron en el menor peso de las vainas.

En la tabla 8 se puede apreciar la DMS entre los Genotipos y se puede distinguir al testigo Blue lake, que presenta el valor más alto con un valor de 134.61 gr; sigue LE 140 con 120.11 gr y finalmente LE 138 con 113.22 gr. Además los tres genotipos en esta variable difieren estadísticamente. Esta característica es determinada por el Genotipo y Blue lake está caracterizada por presentar un valor alto en diferentes localidades, lo que ha hecho que se siga sembrando después de 40 años, de ser introducida en la zona.



Las interacciones se pueden apreciar en la figura 4 y se detecta que Blue lake muestra los valores más altos en todas las localidades, además que los menores valores lo tiene el genotipo LE 138.



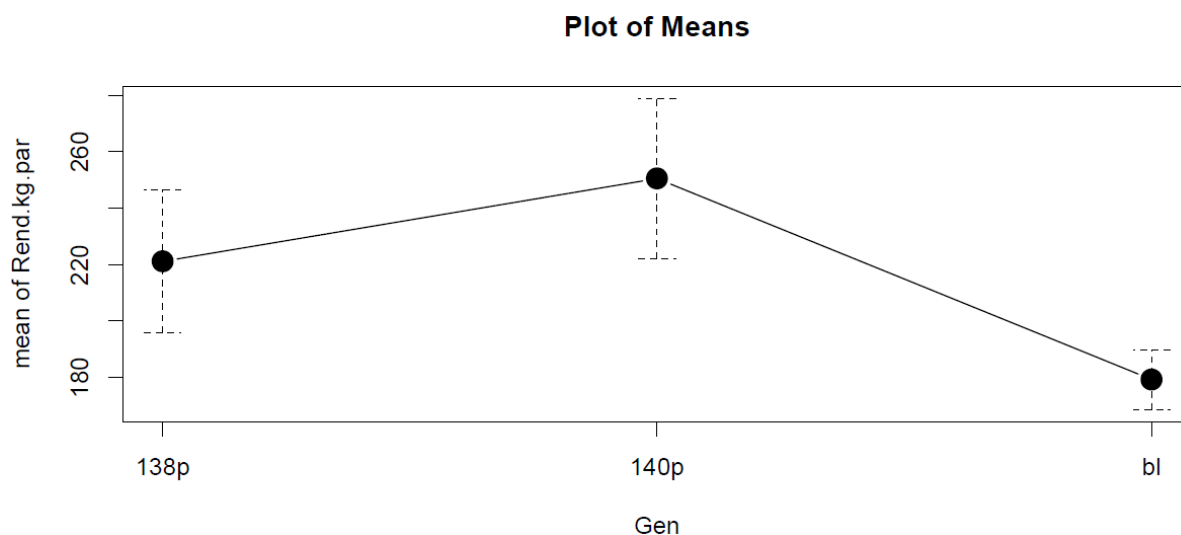
**Figura 4.** Interacción semestre\*localidad para P10V en tres genotipos de habichuela, región del Sumapaz 2014.

**Tabla 12.** Peso de 10 vainas por planta para dos genotipos de habichuela y un testigo comercial en seis ambientes de la región del Sumapaz 2014.

	L1S1	L2S1	L3S1	L1S2	L2S2	L3S2
<b>BL</b>	139,0	133,3	132,7	133,7	136,0	133,0
<b>138</b>	120,0	118,7	104,7	120,0	112,0	104,0
<b>140</b>	127,3	119,0	106,7	126,3	126,0	115,3
<b>TOTAL</b>	386,3	371,0	344,0	380,0	374,0	352,3
<b>Media</b>	128,8	123,7	114,7	126,7	124,7	117,4
<b>Rango</b>	19,0	14,7	28,0	13,7	24,0	29,0
<b>Desviación</b>	9,6	8,4	15,6	6,8	12,1	14,6

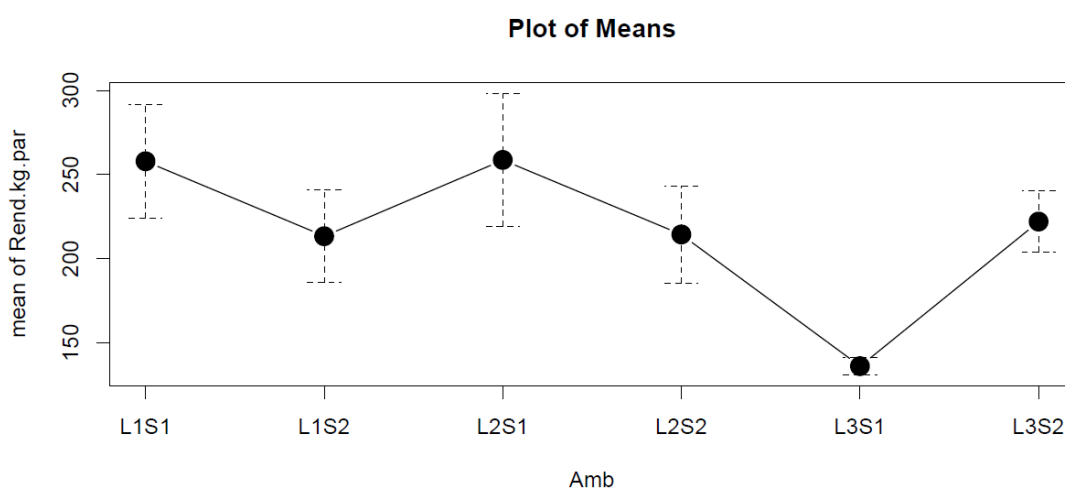
## 9.5 Rendimiento de vaina verde

Para iniciar el análisis exploratorio de los resultados, en las figuras 5 y 6 se presentan los rendimiento medios (Kg\*Parcela) de vaina verde, separadas por genotipo y por ambiente, respectivamente. Se observa que el genotipo de mejor rendimiento es el 140, seguido del 138 y por ultimo BL.



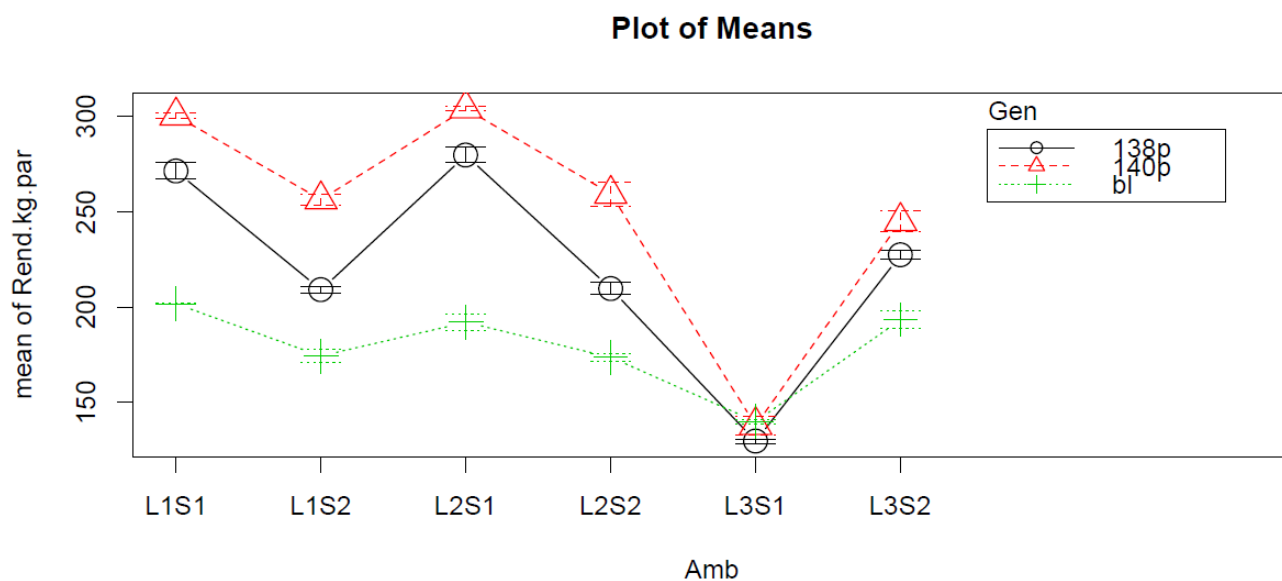
**Figura 5.** Gráfico de medias de rendimiento de habichuelas por genotipo.

Con respecto a los ambientes, se observa que los ambientes L1S1 y L2S2 generan un mejor rendimiento, siendo que entre ellos dos no hay una diferencia significativa. Los ambientes L1S2, L2S2 y L3S2 son de rendimiento mediano y similar entre ellos, mientras que el ambiente L3S1 es el de menor rendimiento.

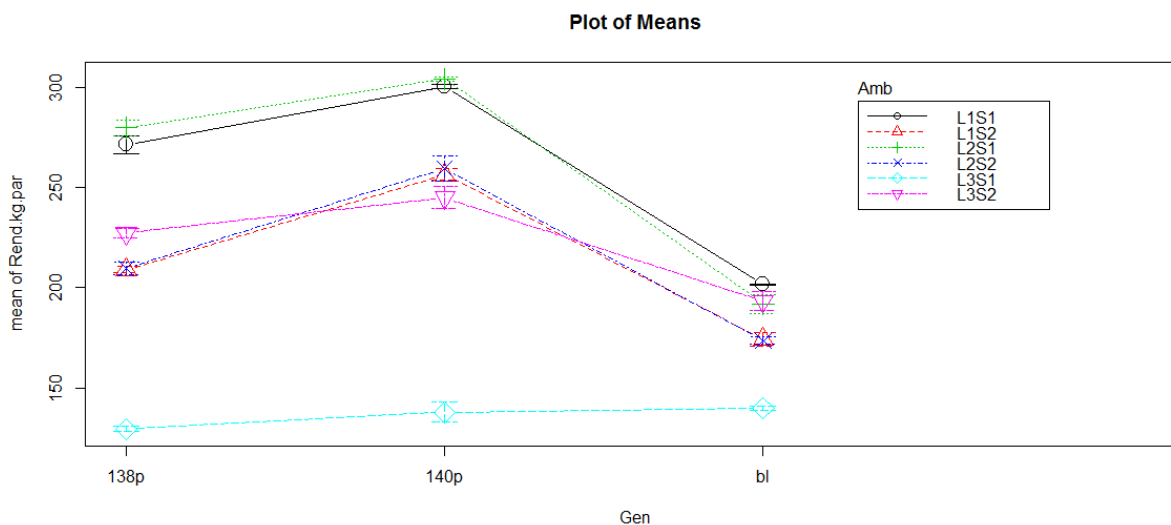


**Figura 6.** Gráfico de medias de rendimiento de habichuelas por ambiente.

En experimentos agronómicos es de esperarse que el rendimiento dependa de las interacciones genotipo-ambiente. La figura 7 representa la interacción aditiva genotipo-ambiente del modelo ANOVA, mostrando que el genotipo 140 es el de mejor rendimiento para los seis ambientes, seguido por el genotipo 138. Por su parte, el genotipo de menor rendimiento en cualquiera que sea el ambiente en el que se siembre es el BL.



**Figura 7.** Gráfico de interacción genotipo-ambiente visualizado por ambiente.



**Figura 8.** Gráfico de interacción genotipo-ambiente visualizado por genotipo.

Se muestra además que en la localidad L3S1 los tratamientos no son estadísticamente diferentes mientras que en las demás localidades se evidencia las diferencias significativas de los tratamientos así como el genotipo 140 presenta mejor rendimiento promedio en las distintas localidades, caso contrario con el tratamiento BL el cual presenta el más bajo rendimiento promedio. En la localidad tres los factores ambientales en los dos semestres no fueron favorables para la producción de vaina verde.

**Tabla 13.** Resultado de los tres genotipos, tres localidades y dos semestres ordenados por la producción media.

Tratamiento	L1S1	L2S1	L3S1	L1S2	L2S2	L3S2
BL	201,67 c	192,00 c	140,00 a	174,33 c	173,67 c	193,33 c*
138	271,33 b	279,67 b	129,67 a	209,00 b	209,67 b	227,33 b
140	300,33 a	304,00 a	138,00 a	256,33 a	259,33 a	245,00 a
MEDIAS	257,78	258,56	135,89	213,22	214,22	221,89
CV	1,66	2,2	4,18	2,19	2,06	3,06
TOTAL	773,33	775,67	407,67	639,67	642,67	665,67

\* Promedios seguidos por la misma letra no presentan diferencias a nivel estadístico

En la siguiente tabla se muestran los cuadrados medios así como la significación de las tres variedades en cada una de las localidades.

**Tabla 14.** Análisis de varianza de los ensayos individuales en tres genotipos, tres localidades y dos semestres.

Fuentes de Variación	Grados de libertad	L1S1	L1S2	L2S1	L2S2	L3S1	L3S2
Repetición	2	25,44	23,11	52,78	123,11	16,78	81,44
Tratamiento	2	7714,78**	5083,11**	10410,78**	5550,78**	90,11 <sup>NS</sup>	2968,78**
Error	4	18,28	21,78	32,28	19,44	32,28	46,11

El anterior análisis de varianza muestra que la única localidad que no presenta diferencias significativas entre los tratamientos es la L3S1, mientras que las otras cinco si las hay. Ahora bien esta investigación el no considerar la localidad L3S1 se perderá eficacia para conocer la interacción genotipo ambiente, esto en definitiva para el estudio global.

Estos resultados indican que esta característica por ser de herencia cuantitativa se ve afectada por muchos factores según Ligarreto (2003). Checa *et al* (2010) en unos ensayos en frijol señalaron que el rendimiento mostró una heredabilidad más baja (36%). Estos resultados indican que la manifestación de estos caracteres está altamente influenciada por el ambiente y que su herencia es de tipo cuantitativo con muchos genes menores involucrados que interactúan con el ambiente.

La comparación entre localidades se aprecia en la tabla 7 y se observa que las localidades Guchipas (localidad 2) y Guavio bajo (localidad 1) presentaron valores de 236.39 y 235.50 kg\*parcela similares estadísticamente pero superiores a los de la localidad Arbeláez (localidad 3) que presentó un valor de 178.89 kg\*parcela. Esta última localidad presentó durante los dos semestres condiciones ambientales menos favorables para el desarrollo del cultivo de la habichuela y esas condiciones desfavorables se reflejan en el rendimiento de vainas verdes (tabla 5).

En la tabla 8 se puede apreciar la DMS entre los Genotipos y se puede distinguir que el genotipo LE 140 presentó el valor más alto con un valor de 250.50 kg\*parcela, sigue LE 138 con un valor de 221.11 kg\*parcela que difiere de LE 140 a nivel estadístico y finalmente el testigo Blue lake que presentó un valor de 179.17 kg\*parcela que es inferior estadísticamente de los anteriores. Estos resultados están asociados con algunos componentes de rendimiento como número de vainas y peso de 10 vainas, en los cuales los Genotipos LE 140 y LE 138 son superiores al testigo. También el rendimiento está asociado con la mayor tolerancia a plagas y enfermedades de los Genotipos LE 140 y LE 138, según muchos reportes de trabajos desarrollados en zonas de la región del Sumapaz. Antolinez y Cárdenas (2012), Valencia y Romero (2013), Jiménez y Moreno (2014).

La interacción semestre\*localidad\*genotipo mostró el mejor rendimiento para LE 140 en el semestre 1 en Pasca con 304.00 kg\*parcela. El valor más bajo se presentó para el testigo comercial Blue lake en el semestre 1 y localidad Arbeláez con 129.67 kg\*parcela. Se debe anotar que en la localidad de Arbeláez se presentaron mayores rendimientos en el segundo semestre respecto al primero; en las localidades Fusagasugá y Pasca los rendimientos del semestre 1 fueron superiores a los del semestre 2 (figura 7).

## 9.6 Análisis plagas y enfermedades

### 9.6.1 Incidencia de mosca blanca

En la tabla 16 se presenta las DMS para localidades y se aprecia que en Guavio bajo la incidencia de mosca blanca fue de 29.06% superando a nivel estadístico a Guchipas que tuvo un 23.44% y Arabia solo 21.89%, además se evidencia que estas dos últimas localidades no difieren estadísticamente, lo que quiere decir que la incidencia del insecto fue de un comportamiento similar estadísticamente hablando. Una de las causas de esta alta incidencia es porque en la granja la Esperanza (Guavio bajo) se siembran cultivos que son hospederos de mosca blanca y de esta manera, es muy fácil que el insecto pase de huéspedes a la habichuela. Mientras que en Arbeláez (Arabia) y Pasca (Guchipas) se utilizaron lotes donde no había cultivos hospederos del insecto. En relación a los semestres este insecto no mostro diferencias significativas (tabla 15).

**Tabla 15.** Comparación de medias para semestres, en las P.E.A.S para dos genotipos de habichuela y un testigo comercial, región del Sumapaz 2014.

SEMESTRES	Mosca blanca Incidencia	Virosis Incidencia	Antracnosis Incidencia	Mildeo polvoso Incidencia
<b>Primero</b>	(2) 24.44 a	17.37 a	(2) 14.48 b	18.48 a
<b>Segundo</b>	(1) 25.15 a	14.07 b	(1) 22.67 a	17.30 a
<b>Promedio</b>	24,79	15,72	18,57	17,89
<b>DMS</b>	1.41	1.95	1.69	1.31

( ) Indica el lugar ocupado por el Semestre. Medias con la misma letra en sentido vertical son estadísticamente iguales con P 0.05 (Tukey). DMS= Diferencia Mínima Significativa. Promedio de tres localidades.

Las DMS para Genotipos se presenta en la tabla 17 allí se aprecia que el testigo Blue lake presento la mayor incidencia de mosca blanca con 44.72; siguen los genotipos LE 140 y LE 138 con porcentajes de 13.67 y 16.00, además se evidencia que difieren a nivel estadístico. Posiblemente la causa es que el cultivar Blue lake lleva más de 40 años sembrándose en la

zona y el insecto se siente más atraído por materiales y con algunas características diferentes como hojas, flores y vainas.

**Tabla 16.** Comparación de medias para localidades, en las P.E.A.S para dos genotipos de habichuela y un testigo comercial, región del Sumapaz 2014.

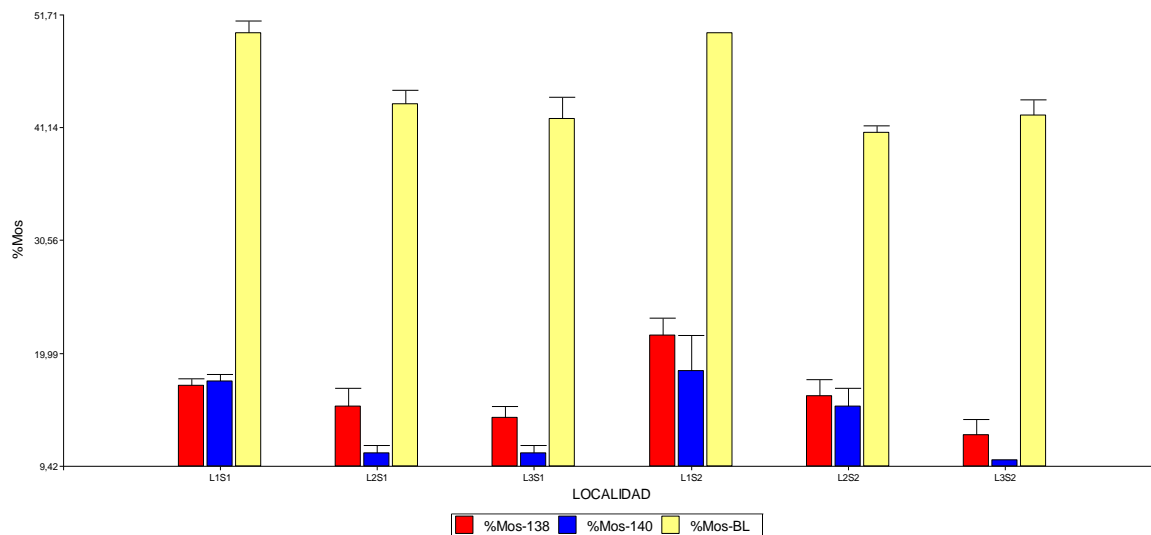
LOCALIDADES	Mosca blanca Incidencia	Virosis Incidencia	Antracnosis Incidencia	Mildeo polvoso Incidencia
<b>Guavio bajo</b>	(1)29.06 a	15.06 ab	18.28 ab	21.17 a
<b>Guchipas</b>	(2)23.44 b	17.61 a	20.56 a	18.50 b
<b>Arabia</b>	(3)21.89 b	14.50 b	16.89 b	14.00 c
<b>Promedio</b>	24,8	15,72	18,58	17,89
<b>DMS</b>	2,09	2.88	2.50	1.94

( ) Indica el lugar ocupado por la localidad. Medias con la misma letra en sentido vertical son estadísticamente iguales con P 0.05 (Tukey). DMS= Diferencia Mínima Significativa. Promedio de tres localidades.

**Tabla 17.** Comparación de medias para genotipos, en las P.E.A.S para dos genotipos de habichuela y un testigo comercial, región del Sumapaz 2014.

GENOTIPO	Mosca blanca Incidencia	Virosis Incidencia	Antracnosis Incidencia	Mildeo polvoso Incidencia
<b>LE 138</b>	(2) 16.00 b	(2) 7.50 b	(2) 10.39 b	(2) 2.22 b
<b>LE 140</b>	(3) 13.67 c	(3) 4.67 b	(3) 8.11 b	(3) 9.22 c
<b>BLUE LAKE</b>	(1) 44.72 a	(1) 35.00 a	(1) 37.22 a	(1) 32.22 a
<b>Promedio</b>	24,8	15,72	18,57	14,5
<b>DMS</b>	2.09	2.88	2.50	1.94

( ) Indica el lugar ocupado por el Genotipo. Medias con la misma letra en sentido vertical son estadísticamente iguales con P 0.05 (Tukey). DMS= Diferencia Mínima Significativa. Promedio de tres localidades.



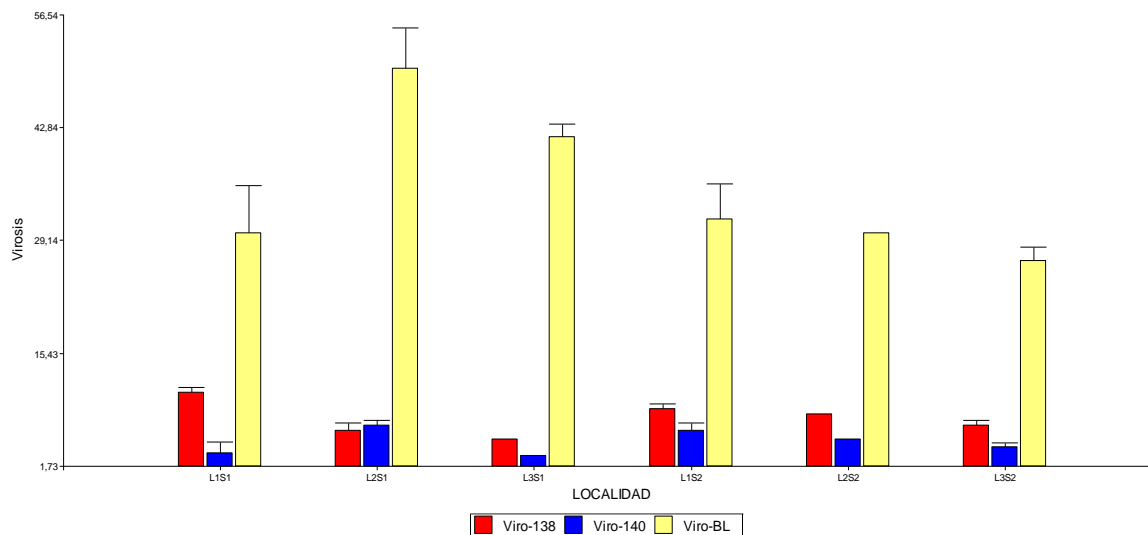
**Figura 9.** Interacción localidad \*Genotipo para incidencia de mosca blanca en tres genotipos de habichuela, región del Sumapaz 2014.

## 9.6.2 Incidencia de virosis

La incidencia de la virosis en cada uno de los semestres (tabla 15) está dada por 17.37 y 14.07 en el primero y segundo semestre respectivamente, concluyendo que existen diferencias significativas entre cada uno de ellos.

En la tabla 17 se muestra las DMS para Genotipos y se determinó que Blue lake presenta una incidencia de 35.00 que supera estadísticamente a LE 140 y LE 138 con porcentajes de 4.67 y 7.50. Además muestra que el genotipo Blue lake difiere estadísticamente de los otros dos estudiados. Los genotipos evaluados son materiales mejorados modernamente y tienen entre sus progenitores algunos que presentan tolerancia a virosis y de ahí los resultados obtenidos





**Figura 10.** Interacción localidad \*Genotipo para incidencia de virosis en tres genotipos de habichuela, región del Sumapaz

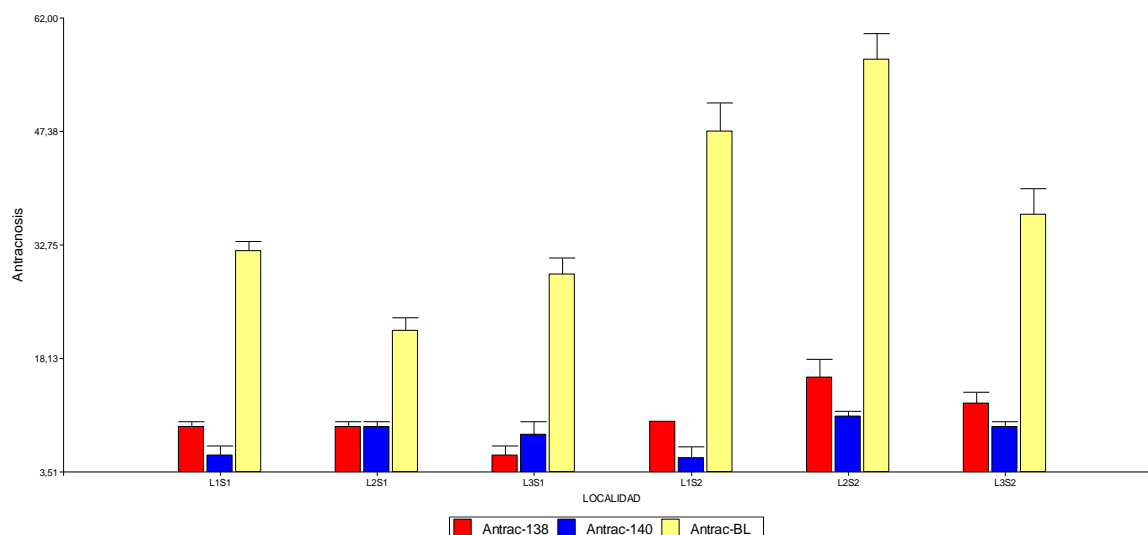
### 9.6.3 Incidencia de Antracnosis

En la tabla 15 se pueden observar las DMS para semestres de siembra y aparecen los valores 22.67% para el segundo semestre y 14.48% para el primer semestre. Parece ser que las condiciones ambientales del segundo semestre favorecieron más la incidencia de la enfermedad, que en el primer semestre y se determina por la diferencia estadística.

Así mismo se puede observar en la tabla 16 los valores para localidades y se aprecia que no difieren en la incidencia de la enfermedad la localidad Guavio Bajo frente a Guchipas y Arabia mientras que estas dos últimas si difieren estadísticamente.

Las DMS para genotipos se presenta en la tabla 17 y el valor más alto de incidencia correspondió a Blue lake con un porcentaje de 37.22, siguen en orden LE 138 con valor de 10.39 y LE 140 con 8.11 estos dos últimos genotipos son similares a nivel estadístico. De acuerdo a la información de muchos autores Blue lake es bastante susceptible a antracnosis, mientras que los genotipos LE 138 y LE 140 están reportados como tolerantes a la enfermedad en diferentes localidades de la región del Sumapaz. Sarmiento y Portela (2010), Pombo y Torres (2011), Antolínez y Cárdenas (2012), Valencia y Romero (2013), Jiménez

y Moreno (2014) señalaron que los Genotipos LE 138 y LE 140 presentaron tolerancia a la enfermedad. Esto se presenta en la figura 12.



**Figura 11.** Interacción semestre\* localidad para incidencia de antracnosis en tres genotipos de habichuela, región del Sumapaz.

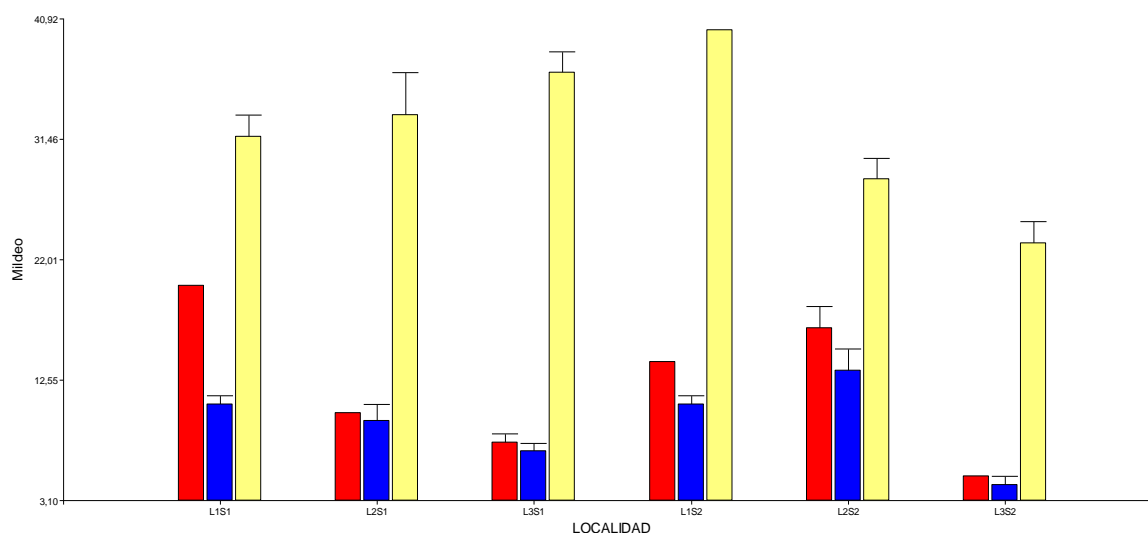
#### 9.6.4 Incidencia de Mildeo

En la tabla 16 se muestran los resultados de las localidades y se observa que no hay diferencias estadísticas siendo Fusagasugá la que presentó mayor porcentaje con 21.17, seguido por Pasca con 18.5 y finalmente Arbeláez con 14.0.

Las DMS para genotipos se presenta en la tabla 12 y el valor más alto de incidencia correspondió a Blue lake con un porcentaje de 32.22. Siguen en orden LE 138 con valor de 9.22 y LE 140 con 2.22 cuyos valores son similares a nivel estadístico. De acuerdo a la información de muchos autores Blue lake es bastante susceptible a mildew, mientras que los genotipos LE 138 y LE 140 están reportados como tolerantes a la enfermedad (Celis y Fonseca, 2013).

En la figura 13 se observa el comportamiento de los genotipos en las diferentes localidades y semestres de siembra. El cultivar Blue lake es que presenta mayores porcentajes de infección por mildew en cualquier semestre y localidad. Los Genotipos LE 140 y LE 138

muestran en todas las localidades y semestres porcentajes bajos, pero no consistentes. En la localidad de Arbeláez se presentaron los porcentajes más bajos de infestación de mildeo y más marcado en el segundo semestre, indicando que el patógeno se desarrolla mejor en siembras con buena humedad relativa y precipitación.



**Figura 12.** Interacción semestre\* localidad para incidencia de mildeo en tres genotipos de habichuela, región del Sumapaz

## 9.7 Metodología Eberhart e Russell

Se presentan los resultados obtenidos de comparar los modelos Eberhart y Russell (1966), AMMI (Gauch y Zobel, 1996) y el BIPLLOT para caracterizar la estabilidad del rendimiento y con ello cumplir un objetivo del presente trabajo.

### 9.7.1 Rendimiento

Para iniciar esta metodología es necesario conocer los rendimientos medios de cada uno de los genotipos en las diferentes localidades (tabla 18).

**Tabla 18.** Rendimiento medio de tres genotipos en seis ambientes.

	L1S1	L2S1	L3S1	L1S2	L2S2	L3S2	MEDIA	TOTAL
<b>BL</b>	201,67	192	140	174,33	173,67	193,33	179,17	1075.00
<b>138</b>	271,33	279,67	129,67	209	209,67	227,33	221,11	1326.67

<b>140</b>	300,33	304	138	256,33	259,33	245	250,50	1503.00
<b>TOTAL</b>	773,33	775,67	407,67	639,67	642,67	665,67	650,78	3904.67
<b>MEDIAS</b>	257,78	258,56	135,89	213,22	214,22	221,89	216,93	7809.33

Se define si existe una diferencia significativa entre el rendimiento de los genotipos en los diferentes ambientes, así mismo se desglosan las fuentes de variación para identificar si existe una interacción significativa entre genotipo-ambiente para continuar con el estudio de adaptabilidad y estabilidad.

**Tabla 19.** Anova para la variable rendimiento del modelo Eberhart e Russell

Fv	GL	SQ	QM	F	Probab
Ambiente	5	90129,33	18025,87	593,1304	0
Genotipo	2	46267	23133,5	761,194	0
Int GxA	10	15566,3	1556,63	51,22	0
Amb/Gen	15	105695,6	7046,375	231,8568	0
Amb. Lineal	1	90129,33	90129,33	2965,652	0
GxA Lineal	2	12799,09	6399,547	210,5733	0
Desviación conjunta	12	2767,205	230,6004	7,5878	0
Desv G-1	4	674,3694	168,5924	5,5474	0,0016
Desv G-2	4	705,2851	176,3213	5,8017	0,0013
Desv G-3	4	1387,55	346,8876	11,4141	0
Residuo	32	972,5142	30,3911		

Nota: las SQ y Qm ya están multiplicadas por el número de repeticiones ( $r = 3$ ). F obtenido por la relación entre el QM de la fuente de variación en el QMR

De acuerdo a los resultados de la (tabla 20) los ambientes más favorables fueron L2S1, L1S1 y L3S2 ya que presentan unos índices de 41,63, 40,85 y 4,96 respectivamente. Mientras que los ambientes menos favorables fueron: L3S1, L1S2 L2S2 los cuales tienen índices de - 81,03, -3,7, -2,7.

**Tabla 20.** Media de los ambientes e Índice ambiental.

Ambientes	Media	Índice
1	257,77	40,85
2	258,55	41,63

3	135,89	-81,03
4	213,22	-3,70
5	214,22	-2,70
6	221,88	4,96

---

En la tabla 16 se presentan el resumen de índices de estabilidad y adaptabilidad propuestos por Eberhart y Russell (1966), entre ellos: rendimiento promedio ( $\beta_0$ ), coeficiente de regresión ( $\beta_i$ ) con el test-‘t’ para la hipótesis

$$H_0: \beta_i = 1.0$$

$$H_0: \beta_i \neq 1.0$$

Y las desviaciones de la regresión ( $S^2_d$ ) las cuales es un parámetro importante ya que determina la confiabilidad o consistencia de los genotipos.

Se puede observaren la tabla 21 que todos los genotipos presentan un coeficiente de regresión ( $\beta_i$ ) que difieren de 1. Esto permitió determinar que los genotipos LE138 y LE140 son buenos y se adaptan a ambientes favorables que en este caso son Fusagasugá primer y segundo semestre (L1S1, L1S2), Pasca primer y segundo semestre (L2S1, L2S2), por ultimo Arbeláez segundo semestre (L3S2). Ahora el testigo comercial (BL) presenta resistencia a cambios ambientales, lo cual es recomendable para ambientes de bajo potencial o con algún tipo de estrés, en este estudio fué Arbeláez primer semestre (L3S1). Así mismo es importante mencionar que todos los genotipos presentan mala estabilidad son inconsistentes en su rendimiento.

Cabe destacar que de estos genotipos solo LE138 y LE140 con rendimientos de 221 y 250 Kg están por encima de la media general (216,92) y por ende son una mejor opción desde el punto de vista del rendimiento de vaina para las diferentes condiciones ambientales de Fusagasugá, Pasca y Arbeláez en las que se realizó la investigación.

**Tabla 21.** *Parámetros de estabilidad estimados para tres genotipos respecto al rendimiento.*

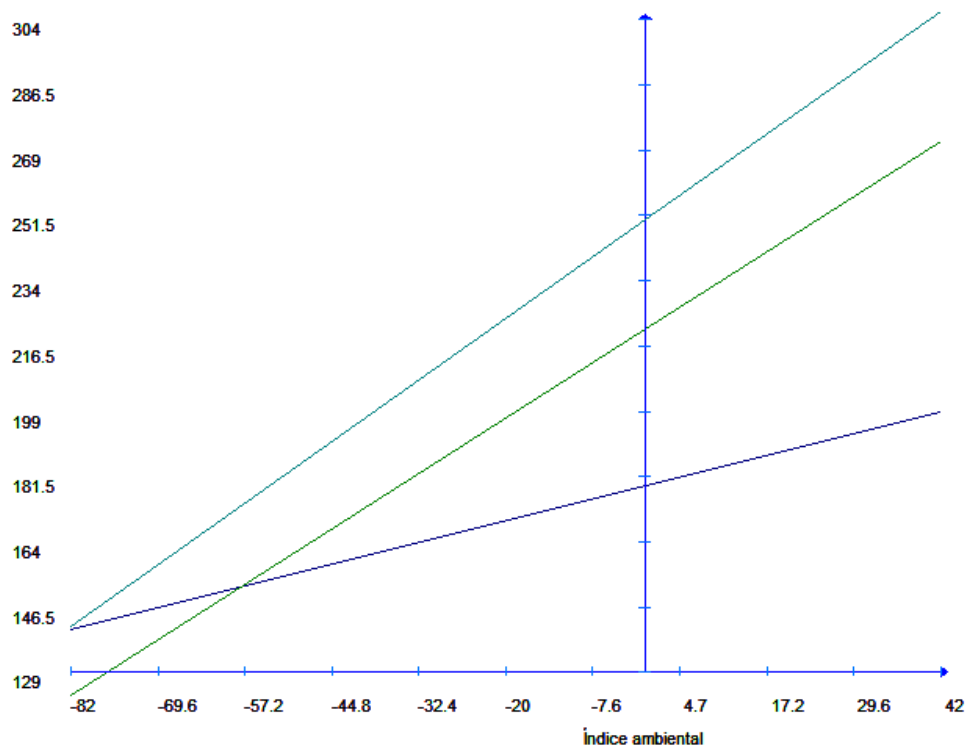
GENOTIPO	MEDIA	$\beta_i$		S <sup>2</sup> d	
BL	179,1667	0,4724	**	46,0671	**
138	221,1117	1,1989	**	48,6434	**
140	250,4983	1,3288	**	105,4988	**

ns = No Significativo. \* = Significativo al 0,05. \*\* = Altamente Significativo al 0,01.

Es importante analizar las diferentes alternativas que pueden resultar con este modelo, por ejemplo si los genotipos presentan un  $\beta_i = 1.0$  la cual indica que estas líneas son adaptables a las diferentes condiciones ambientales de los ambientes estudiados y además los desvíos de la regresión son estadísticamente mayores a de cero, significa que el comportamiento de los genotipos será impredecible, corriendo el riesgo que si se recomiendan el comportamiento de los mismos no puede ser el mismo.

Ahora si los genotipos presentan un  $\beta_i < 1.0$  la cual indica que estas líneas dan una respuesta mejor en ambientes desfavorables y además su  $S^2d=0$  indicarían un comportamiento predecible en los diferentes ambientes. En los genotipos que den en este grupo se recomienda aquellos que tengas un rendimiento por encima de la media general, el cual podrá ser utilizado en esos ambientes de baja calidad sin bajar mucho su rendimiento, en otras palabras ambientes desfavorables.

También puede pasar que presenten  $\beta_i > 1.0$  lo cual indica una mejor respuesta a los ambientes favorables y si además  $S^2d=0$  nos dan un comportamiento predecible. De igual forma se recomienda aquellas líneas que logren una media de rendimiento superior a la media general.



**Figura 13.** Líneas de regresión entre rendimiento e índices ambientales de los genotipos con base en el modelo de Eberhart y Russell (1966).

La grafica 13 muestra la línea de regresión entre rendimiento e índice ambiental que permite observar que el genotipo LE 140 presenta mayor rendimiento (azul), seguido del LE138 (verde) y por último el testigo comercial (morado).

## 9.8 Modelo AMMI

### 9.8.1 Rendimiento

En el análisis de la variancia conjunta para la variable rendimiento de vaina verde, se observa efectos significativos al 1% para los ambientes, genotipos e interacción genotipo ambiente.

**Tabla 22.** Resultados del análisis de la variancia conjunta el rendimiento (Kg/parcela) para los 3 genotipos. ANOVA

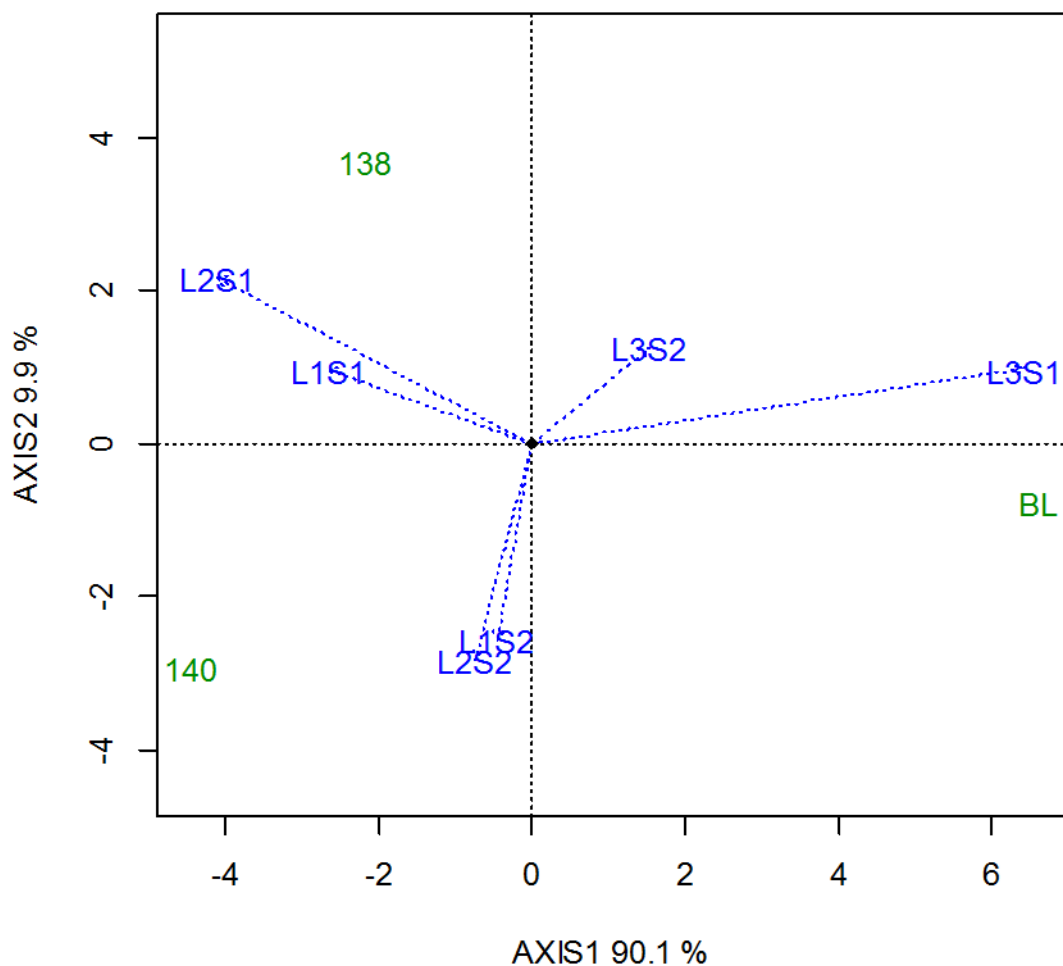
Fv	GL	SQ	QM	F	Probab	
Ambiente	5	90129,33	18026,2	335,1981	1,88E-09	***
Repetición(Ambiente)	12	645	53,8	1,8962	0.08807	.
Genotipo	2	46267	23134,5	815,71,07	< 2.2e-16	***

Amb/Gen	10	15566,3	1556,63	54,8912	4,54E-14	***
Residuo	24	681	28,4			
Signif. Codes	0	***	0.001	**	0.01	* 0.05 . ' 0.1 ' ' 1

Se realizaron dos Biplots, esto para la correcta interpretación de la interacción GxA, el primero a partir del primer eje principal (CP1) y los rendimientos medios de cada ambiente (grafico 16). Por otro lado las coordenadas de los ambientes y genotipos con las dos primeras componentes principales (grafico 14 Y 15).

El modelo AMMI facilitó una proyección de la GxA por medio del Biplot, El primer Componente principal AMMI, presentó el mayor peso en la varianza, con un 90.1% y el segundo un 9.9% de porcentaje de varianza relevante de la interacción GxA. Se dice que es relevante mayor a, 75% de la explicación en AMMI según Crossa (1990) y Rodríguez *et al.* (2002) o mayor a 70%.





**Figura 14.** Biplot del modelo de efectos aditivos e interacción multiplicativa (AMMI-2) para rendimiento medio de dos genotipos y un testigo comercial en seis localidades, ubicadas en la región del Sumapaz 2014. (Software R)

Para analizar este grafico 14 el cual representa el Biplot generado por el modelo AMMI2, los vectores cuyo punto final se encuentren más lejos del origen coordinado, contribuyen más en la interacción, que aquellos que están más próximos al origen. Además los genotipos cuyas direcciones de los vectores coinciden tienen una interacción similar.

El AMMI2 según Gauch and Zobel (1996) puede también identificar genotipos con adaptación amplia e identificar macro ambientes homogéneos. Los genotipos y ambientes estadísticamente estables son representados por puntos cercanos a cero para los dos ejes de la interacción (CP1 y CP2). Los ambientes o genotipos con ángulos muy estrechos se

correlacionan entre sí (Yan and Kang, 2003). La ausencia de asociación entre ambientes o genotipos es dada por el ángulo recto entre vectores y la asociación negativa por el ángulo obtuso (Yan, 2011; Alejos *et al.*, 2006; Rea *et al.*, 2011; Rao *et al.*, 2011).

La figura 14, muestra que el ambiente L3S1 presentó el mayor peso, mostrando estar correlacionado de manera positiva con la GxA del CP1,

**Tabla 23.** *Análisis de la variancia para los componentes principales*

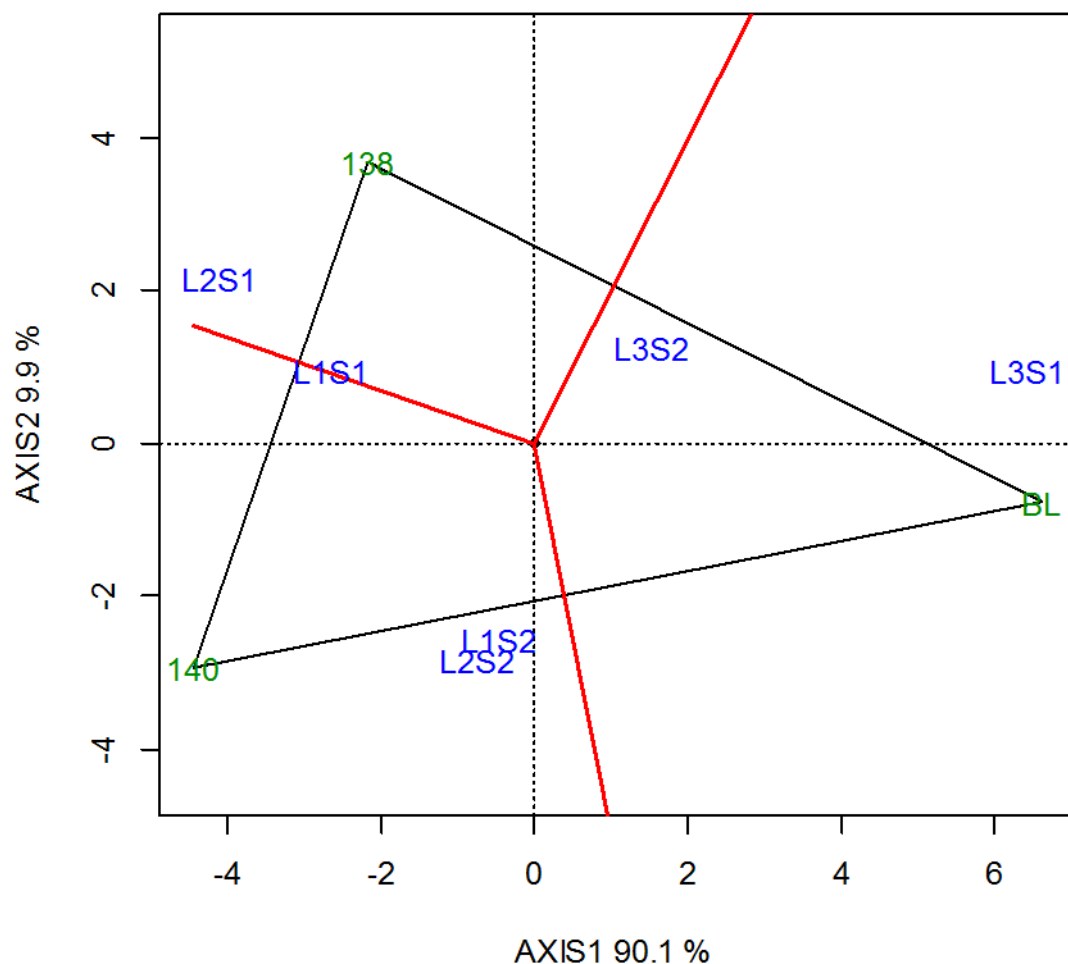
	porcentaje	Acumulado	GL	SQ	QM	F	Probab
PCA1	90,1	90,1	6	4675,7	779,3	27,44	0,0000
PCA2	9,9	100,0	4	513,5	128,4	4,53	0,0072
PCA3	0,0	100,0	2	0,0	0,0	0,0	1,0000

En la figura 14, se analizó las interacciones entre cada uno respecto al rendimiento de cada genotipo en cada ambiente, se observa por el ángulo formado entre el vector genotipo y el vector ambiente que determina si el rendimiento está por debajo o por encima de la media. Así que, analizando el genotipo 140 este muestra un rendimiento superior a la media en los ambientes L2S1, L1S1, L1S2, L2S2; esto debido al ángulo entre el vector del genotipo y el vector de los ambientes referidos anteriormente que presentan ángulos menores a 90°; mientras que en el ambiente Arabia (L3S1 y L3S2) este genotipo está por debajo del rendimiento medio por reflejar los vectores un ángulo mayor a 90°.

**Tabla 24.** *Aporte de los genotipos y ambientes en las dos primeras componentes principales, método AMMI.*

tipo	Rend	PC1	PC2
138	221.11	-2.179	3.678
140	250.50	-4.445	-2.926
BL	179.17	6.624	-0.753
L1S1	257.77	-2.66	0.972
L1S2	213.22	-0.461	-2.558
L2S1	258.56	-4.10	2.172
L2S2	214.22	-0.742	-2.815
L3S1	135.89	6.433	0.981
L3S2	221.89	1.531	1.249

Por otro parte, el rendimiento del genotipo 138 está por encima de los ambientes L2S1, L1S1 y L3S2 (ángulos agudos) y por debajo de los otros tres ambientes. Por último el Testigo comercial BL presenta un rendimiento mayor a la media en los ambientes L3S1, L3S2, L1S2 y L2S2.



**Figura 15.** Biplot del modelo de efectos aditivos e interacción multiplicativa (AMMI-2) para rendimiento medio de dos genotipos y un testigo comercial en seis localidades, ubicadas en la región del Sumapaz 2014.

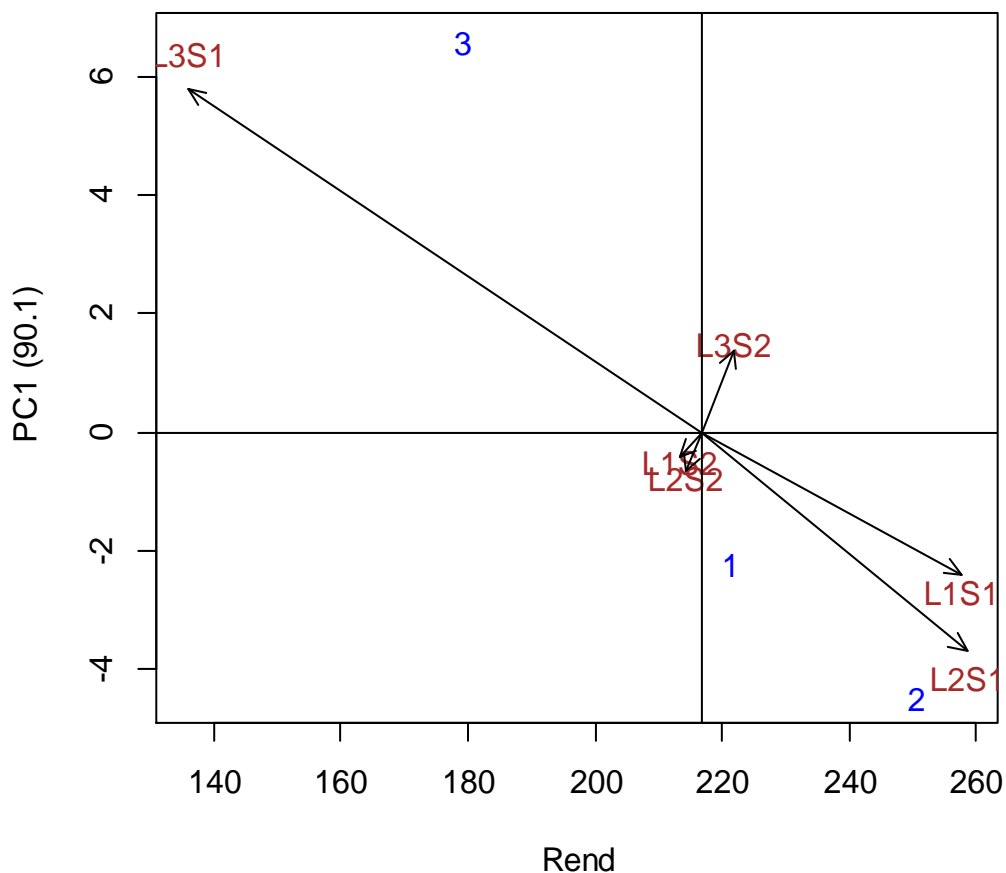
Además del polígono se dibujan líneas perpendiculares a cada lado del polígono permitiendo generar diferentes sectores. Los genotipos que se encuentran en el vértice son aquellos que

son más sensibles, además de ser el de mayor rendimiento en todos los ambientes que pertenecen al sector, es decir, pueden ser los mejores o las más pobres en algunos o todos los ambientes ya que en el sector no puede estar presente ningún ambiente. De igual forma se pueden realizar comparaciones de los genotipos que se encuentren en vértices adyacentes al polígono formado.

Si algún genotipo no posee ningún ambiente en cada uno de sus sectores nos indica que no es el mejor en ningún ambiente del estudio y por ende se entiende que son los de rendimiento más pobre en alguno o todos los ambientes.

El grafico muestra tres sectores en los cuales se pueden evidenciar que el genotipo con mayor rendimiento en el sector que contiene los ambientes L1S2, L2S2 y L1S1 es 140, para otro sector formado por L3S1 y L3S2 es el testigo comercial BL. Por último el genotipo 138 presenta su mayor rendimiento en el ambiente L2S1.

En la figura 17 se muestra el Biplot del resultado bajo el modelo AMMI1. Los valores en la abscisa muestran el efecto del genotipo y el ambiente sobre el rendimiento, mientras que los valores en la ordenada representa la interacción  $G \times A$ , es el eje que explica la variación del rendimiento debida a la interacción.



**Figura 16.** Biplot del modelo de efectos aditivos e interacción multiplicativa (AMMI-1) para rendimiento medio de dos genotipos y un testigo comercial en seis localidades, ubicadas en la región del Sumapaz 2014.

Rodríguez et al. (2011) mencionan que los genotipos más estables se encuentran más cercanos al origen del CP1 y al alejarse de este muestran mayor interacción con el ambiente. El genotipo BL mostró un rendimiento inferior a la media general y fue el genotipo con mayor interacción con el ambiente, mientras que los genotipos LE 138 (1) y LE 140 (140) tuvieron rendimientos superiores a la media general y presentaron menor interacción con el ambiente, debido a que mostraron valores más bajos en el CP1.

También se observa una interacción multiplicativa (del mismo signo  $IPCA = -2.6$ ) entre el genotipo 138 (1) y el ambiente L1S1 (localidad 1, semestre1) que juntos tienen un efecto positivo sobre el rendimiento, en cuyo caso sería entre 210-250 kg\*parcela.

Se puede observar cierta interacción multiplicativa entre el ambiente L3S1 (localidad 3, semestre 1) con el genotipo BL pero su efecto sobre el rendimiento está por debajo de 170 kg\*parcela.

Los ambientes L1S2 y L2S2 están muy cercanos a cero en el eje del IPCA indicando la no existencia de interacción con ningún genotipo, por lo tanto no muestran efecto significativo sobre el rendimiento.

Por lo tanto el genotipo 140 tiene una interacción con el ambiente L2S1 y un poco menor con L1S1 pero ambas combinaciones 140-L2S1 y 140-L1S1 tienen el mayor efecto sobre el rendimiento.

## 10 CONCLUSIONES

El grafico Biplot facilita el análisis de los datos que se tienen del genotipo ambiente, propiciando la evaluación de cada genotipo en los diferentes ambientes, además de detectar mega ambientes que sirven para seleccionar el genotipo con mayor rendimiento en un determinado ambiente. De igual forma evalúa los genotipos de acuerdo al rendimiento promedio y su estabilidad en los diferentes ambientes.

Se comparó el modelo tradicional de Eberhart y Russel con el modelo AMMI (Método de los efectos aditivos principales e interacciones multiplicativas) con los datos de tres genotipos de habichuela en la región del Sumapaz mostrando que el modelo de regresión permite clasificar de forma global los ambientes y genotipos como estables y no estables, además del comportamiento de los mismos en ambientes desfavorables y favorables. Mientras que el modelo AMMI además de mostrar la estabilidad de los genotipos permite observar la interacción multiplicativa y discrimina los mejores genotipos y su adaptación en cada uno de los ambientes estudiados

Para utilizar el método de los efectos aditivos principales e interacciones multiplicativas AMMI como herramienta de selección de genotipos de plantas de ciclo anual, se recomienda realizar un análisis de varianza por localidad y combinado para las variables que permita definir si existe interacción significativa entre genotipo y ambiente, es decir, permita determinar el efecto del genotipo, el ambiente y de la interacción de las variables, con repetición en diferentes localidades y épocas diferentes y así indicar las variaciones significativas de los genotipos de acuerdo a la respuesta que da a medida que varía el ambiente. De igual forma se sugiere realizar pruebas de media para las variables estudiadas en cada uno de los genotipos y ambientes con el fin de observar los cambios drásticos de comportamiento. Luego estimar los parámetros de adaptabilidad (coeficiente de regresión lineal (b) y estabilidad (desvíos de la regresión (s) mediante el método de Eberhart e Russel (1966). Además esta metodología considera que el comportamiento promedio de todos los genotipos en cada uno de los ambientes es considerado como el índice ambiental. Por ultimo aplicar el método de análisis multivariado de los Efectos Aditivos Principales e Interacciones Multiplicativas (Modelo AMMI), La interpretación de los resultados del análisis AMMI es

de mayor facilidad con la representación gráfica (gráfico biplot), en el mismo espacio, de los genotipos y los ambientes.



## **11 RECOMENDACIONES**

Con el propósito de obtener una mejor información sobre la estabilidad de genotipos se sugiere aumentar el número de localidades.

El método AMMI es eficiente ya que permite la selección de genotipos en los diferentes ambientes, se recomienda complementar este modelo con otras metodologías como la varianza de estabilidad de Shukla, Lin y Binns, modelo Ecovalencia, de Wricke, modelo de regresión por sitio (SREG) entre otros, lo que haría posible tener más información sobre los genotipos o líneas a evaluar y así poder seleccionar los genotipos más estables y rendidores.

## 12 BIBLIOGRAFÍA

Alejos, G., P. Monasterio y R. Rea. 2006. Análisis de la interacción genotipo ambiente para rendimiento de maíz en la región maicera del estado Yaracuy, Venezuela. *Agronomía Trop.* 56(3): 369-384.

Annicchiarico, P. 1997. Joint regression vs. AMMI analysis of genotype-environment interactions for cereals in Italy. *Euphytica*. 94(1):53-62.

Antolinez, L. y P. Cárdenas. 2012. Evaluación y caracterización de cinco variedades de habichuela (*Phaseolus vulgaris* L.) tipo voluble en la granja la Esperanza. Trabajo de grado. Facultad de Ciencias Agropecuarias, Programa Ingeniería Agronómica Universidad de Cundinamarca. Fusagasuga.

Aulicinio, M., F. Laos, M. Arturi, A. Suárez y C. Greco. 2000. Análisis de la interacción genotipo –ambiente para rendimiento forrajero en cebadilla criolla. *Invest. Agr. Prod. Prot. Veg.* 15(3):169-180.

Balzarini M.G., Di Rienzo J.A. InfoGen versión 2016. FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. URL <http://www.info-gen.com.ar>

Balzarini, M., Bruno, C. y Arroyo A. 2005. Análisis de Ensayos Agrícolas Multiambientales. Ejemplos en Info-Gen. Ed. ISBN 987-05-0349-7. Córdoba, Argentina. 141 pp.

Balzarini M, Bruno C, Peña A, Teich I, Di Rienzo J. 2010. Análisis de Datos Biotecnológicos. Aplicaciones con Info-Gen. Ed Encuentro Grupo de Editores, Córdoba, Argentina. ISBN 9871432682

Becker, H.C. 1981. Correlations among some statistical measures of phenotype stability. *Euphytica*. 30:835-840.

Bernardo, R. 2002. Breeding for quantitative traits in plants. Stemma Press, Woodbury, and MN.

Besag J., Higdon D. 1999. Bayesian analysis of agricultural field experiments. *Journal Royal Statistical Society. Series B.* 61: 641-746

Burgueño J., Crossa J., Cornelius P.L., Yang R.-C. 2008. Using factor analytic models for joining environments and genotypes without crossover genotype  $\times$  environment interaction. *Crop Science* 48:1291-1305.

Cardona, C, Rodríguez, I., Bueno y Tapia, X. 2005. *Biología y Manejo de la Mosca Blanca Trialeurodes vaporariorum en Habichuela y Fríjol*. Cali, CO: Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIA1); Department for International Development (DFID).

Carballo C.A, Sánchez F.M. 1970. Comparación de variedades de maíz del bajío y la mesa central por su rendimiento y estabilidad. *Agrociencia*, 5:pp.129- 146.

Celis, A. y L. R. Fonseca. 2014. Actividad fotosintética en tres cultivares de Habichuela tipo voluble (*Phaseolus vulgaris*) en la región del Sumapaz (Colombia). Ponencia XV Congreso Latinoamericano de Fisiología vegetal. Mar del Plata (Argentina).

Celis, A y Fonseca, L. 2016. Nuevos genotipos de habichuela tipo voluble para la región del Sumapaz (Colombia). Ponencia en el Vi Congreso Internacional de Fitotecnia, Tabasco-Villahermosa. México.

Cornelius P.L., Crossa J. y Seyedsadr M.S. 1996. Statistical tests and estimators of multiplicative models for genotype-by-environment interaction. p. 199-234. En:

Cotes J.M, Zuluaga C. M., González., E. P., Morales, J.G., Marín, M. A., Ñustez C.E., Gutiérrez, P.A. 2012. Informe técnico de investigación proyecto “Evaluación fenotípica y genotípica de la colección de *Solanum phureja* por su resistencia a *Spongospora subterranea* f. sp subterranea”. Universidad Nacional de Colombia y Politécnico Colombiano Jaime Isaza Cadavid. Medellín, 98p.

Cotes, J.M., González., E., y Cotes, A. 2012. Genotype selection with both high phenotypic response and stability through regional trials: recovering the biological concept. *Revista de Facultad de Ciencias Básicas*. Universidad Nueva Granada. Volumen 8 • Número 2 • Páginas 226-243 Bogotá.

Crossa, J., B. Wescott, y C. González. 1988. Analyzing yield stability of maize genotypes using a spatial model. *Theoretical and Applied Genetics*. 75:863-868.

Crossa, J.; Gauch, H.G.; Zobel, R.W. 1990. Additive main effects and multiplicative analysis of two international maize cultivar trials. *Crop Science* 30: 493–500.

Crossa, J. 1996. Statistical analyses of multiplication trials. *Advances in Agronomy*. 44: 55-85.

Crossa J., Yang R.-C., Cornelius P.L. 2004. Studying crossover genotype  $\times$  environment interaction using linear-bilinear models and mixed models. *Journal of Agricultural, Biology and Environmental Statistics*. 9: 362-38

Cruz, C.D. 2006. Programa Genes: Biometria. Editora UFV. Viçosa (MG). 382p.

Cruz, C. D. 2005. Principios de genética quantitativa. Universidad de Federal de Viçosa. Ed. UFV. Viçosa, Minas Gerais, Brasil. 394 p.

Da Silveira, L., V. Kist, T. Mendes de Paula, M. Pereira, L. Peternelli y E. Daros. 2013. AMMI analysis to evaluate the adaptability and phenotypic stability of sugarcane genotypes. *Sci. Agric* .70(1):27-32.

DeLacy, I. H., Eisemann, R.L., Cooper, M. 1990. The importance of genotype by environment interaction in regional variety trials. p. 287-300. Kang K.S. (Ed.) En: *Genotype-by-Environment Interaction and Plant Breeding*. Louisiana State University, Baton Rouge, Louisiana.

DeLacy, I.H., Cooper M., Basford, K.E. 1996. Relationships among analytical methods used to study genotype-by-environment interactions and evaluation of their impact on response to selection. p. 51-84. En: Kang M.S. y Gauch H.G.(Eds.) *Genotype-by-Environment Interaction*. CRC press, New York, 416 p.

Eberhart, S. A., y W.A. Russell. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*. 6: 36-40.

Eckart, C. and Young, G. 1939. A principal axis transformation for non-Hermitian matrices. Am.Math.Soc.Bull, 45: 118-121.

Edwards, J.W., Jannink J.L. 2006. Bayesian modeling of heterogeneous error and genotype x environment interaction variances. Crop Science 46:820-833.

Escallon, R. M. Ramírez, C. E. Ñustez. 2005. Evaluación del potencial de rendimiento y de la resistencia a *Phytophthora infestans* (Mont. De Bary) en la colección de papas redondas amarillas de la especie *Solanum phureja* (Juz et Buk). Agronomía Colombiana 23 (1):35-41.

Fierros, G.A., Leyva, P., Ortega, J A., Acosta, V., Valenzuela, I., Valenzuela, F. y Gutiérrez .E.2015. Interacción genotipo-ambiente en garbanzo blanco de semilla extra grande en el noroeste de México. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas Vol.7 Núm.3.

Finlay, K.W., y G.N. Wilkinson. 1963. The analysis of adaptation in a plant- breeding programme .Australian Journal of Agricultural Research. 14:742-754.

Flores, F., Moreno, M.T. y Cubero, J. I. 1998.A comparison of univariate and multivariate methods to analyze GE interaction. Field Crops Research 56, 271–286.

Foucteau V. Denis J.B. 2001. Statistical analysis of successive experiments in plant breeding: A Bayesian approach. P.49-56. En: Gallais, A., Dillman C., Goldringer I. (Eds.). EUCARPIA Quantitative genetics and breeding methods: the way ahead. INRA Editions, Paris, France.333 p.

Frutos B. M<sup>a</sup> Elisa, Galindo V. Purificación, Interacción Genotipo – Ambiente: Gge Biplot y Modelos AMMI, 2011, Tesis para optar al Máster en Análisis Avanzado de Datos Multivariantes, Universidad De Salamanca. España

Gauch, H.G., y H. W. Zobel. 1988. Predictive and positive success of statistical analysis of yield trials. Theoretical and Applied Genetic. 79: 753-761.

Gauch H. G., Zobel R. W. 1996. AMMI analysis of yield trials. p. 85-122. En: Kang M.S. y Gauch H.G. (Eds.) Genotype-by-Environment Interaction. CRC press, New York, 416 p.

Gauch H. G., Hans-Peter P., y Annicchiarico P. 2008. Statistical Analysis of Yield Trials by AMMI and GGE: Further Considerations. Crop Sci. 48:866–889.

González T, E Monteverde, C Marín, I P M Madriz .2007.Comparación de tres métodos para estimar estabilidad del rendimiento en nueve variedades de algodón. Interciencia 32:344–348.

Guilherme, P.D, 2008. Evaluación de métodos para análisis de estabilidad en diferentes ambientes en genotipos de yuca (*Manihot esculenta* Crantz), Palmira trabajo de grado (maestría en ciencias con énfasis en fitomejoramiento de plantas), Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ciencias Agrarias.

Gutiérrez y Muñoz. 2009. Interacción genotipo por ambiente de siete variedades de papa en la zona papera de Chiriquí, Panamá. Revista Latinoamericana de la Papa. (2009). 15(1): 12-19

Hill, J. 1975. Genotype-environment interactions a challenge for plant breeding. Journal of Agriculture Science, Cambridge. 85:477-493.

InfoStat Software 2008. Grupo Estadística FCA-UNC

Jiménez, H.M. y G.A.Moreno.2014.Evaluacion y caracterización de tres nuevos materiales de habichuela (*Phaseolus vulgaris*) frente a dos variedades comerciales de tipo voluble en el municipio de San Bernardo (Cundinamarca).Trabajo de grado. Facultad de Ciencias Agropecuarias, Programa Ingeniería Agronómica Universidad de Cundinamarca. Fusagasugá.

Kang M.S., Pham H.N. 1991. Simultaneous selection for high yielding and stable crop genotypes .Agronomy Journal 83: 161-165

Kang M.S. y Gauch H.G. (Eds.) Genotype-by-Environmet Interaction.CRC press, New York, 416 p.

Kang M.S., Magari, R. 1996. New development in selecting for phenotypic stability in crop breeding. p. 1-14. En: Kang M.S. y Gauch H.G. (Eds.) Genotype-by-Environmet Interaction. CRC press, New York, 416 p.

Kang M.S., Pham H.N. 1991. Simultaneous selection for high yielding and stable crop genotypes. *Agronomy Journal* 83: 161-165.

Kelly A.M., Smith A.B., Eccleston J.A., Cullis B.R. 2007. The accuracy of varietal selection using factor analytic models for multi-environment plant breeding trials. *Crop Science* 47:1063-1070

Ligarreto, G. 2003. Caso 2. Análisis de la variabilidad genética en fríjol. Datos, 40.

Ligarreto M., G.A., Castro H., O.A., Chaves C., B.2015.Estabilidad fenotípica de una colección de fríjol andino (*Phaseolus vulgaris* L.) tipo arbustivo. U.D.C.A Act. &Div. Cient. 18(1): 109-118, (2015)

Lin, C., M. Binns y L. Lefkovich. 1986. Stability analysis: Where do we stand. *Crop Sci.* 26: 894-900.

Lozano, Á., Santacruz, A., San-Vicente-, F., Crossa, J., Burgueño, J., & Molina, J.2015. Modelación de la interacción genotipo \* ambiente en rendimiento de híbridos de maíz blanco en ambientes múltiples. *Revista fitotecnia mexicana*, 38(4), 337-347. Recuperado en 24 de enero de 2018, de [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0187-73802015000400001&lng=es&tlng=es](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0187-73802015000400001&lng=es&tlng=es).

Lozano, A.J., V.M. Zamora, L. Ibarra, S.A. Rodríguez, C. Lázaro, M.R. Ibarra. 2009. Análisis de la Interacción genotipo-ambiente mediante el modelo AMMI y potencial de producción de Triticales Forrajeros(x Triticum secale Wittm). *Universidad y Ciencia Trópico Húmedo*. 25(31): 81-92.

Magari, R. And M. Kang. 1993. Genotype selection via a new yield stability statistic in maize yield trials. *Euphytica* 70:105-111.

Marín, C., F. San Vicente Y V. Segovia. 2004. Métodos recientes para el análisis de la interacción genotipo-ambiente en pruebas regionales de cultivares de maíz (*Zea mays* L.). In: VI Jornada Científica del Maíz. Maracay (Venezuela). Fasc. 1:6 p.

Medina, S., C. Marín, V. Segovia, A. Bejarano, Z. Venero, R. Ascanio y E. Meléndez. 2002. Evaluación de la estabilidad del rendimiento de variedades de maíz en siete localidades de Venezuela. *Agronomía Trop.* 52(3):255-275.

Nachit, M.N., G. Nachit, H. Ketata, H.G. Gauch, y R.W.Zobel. 1992. Use of AMMI and regression models to analysis genotype-environment interaction in durum wheat. Theoretical and Applied Genetics. 83:597-601.

Nassar R., León J., Hühn M. 1994. Test of significance for combined measures of plant stability and performance. Biometrical Journal 36: 109-123.

Piepho H.P. 1998. Empirical best linear unbiased prediction in cultivar trials using factor analytic variance-covariance structures. Theoretical and Applied Genetics 97: 195-201.

Pombo, M. y J.F. Torres. 2011. Evaluación de doce genotipos de habichuela (*Phaseolus vulgaris* L.) Tipo voluble en la vereda Santa Rosa municipio de Arbeláez. Trabajo de grado. Facultad de Ciencias Agropecuarias, Programa Ingeniería Agronómica. Universidad de Cundinamarca, Fusagasuga.

Preciado E, A. Terrón, H. Córdova, H. Mickelson y R. López. 1997. Respuestas correlacionadas para el rendimiento en la selección de híbridos de maíces precoces subtropicales. Agronomía Mesosamericana 8 (1): 35-43.

Ramallo, M. A., J. B. Santos e C. A. Pinto. 2000. Genética na agropecuaria. Lavras: Ed. UFLA. 404 p.

Rea, R. And O. De Sousa. 2002. Genotype x environment interaction in sugarcane yield trials in the central-western region of Venezuela. Interciencia 27:620-624 Cary, NC.USA.

Rea, R., O. De Sousa-Vieira, A. Díaz, M. Ramón, R. Briceño, J. George y M. Niño. 2014. Interacción genotipo-ambiente en caña de azúcar mediante los modelos AMMI y regresión de sitios en Venezuela Rev. Fac. Agron. (LUZ). 2014, 31: 362-376.

Rodríguez, R., Ponce, J., Rueda, E., Avendaño, L., Paz, J., Santillano, J. y M. Cruz. 2011. Interacción genotipo - ambiente para la estabilidad de rendimiento en trigo en la región de Mexicali, B.C., México. Tropical and Subtropical Agroecosystems, 14 (2011): 543- 558.

Rodríguez. Y Tinjaca, S. 2014. Pruebas de evaluación agronómica (PEA) de genotipos de papa criolla (Grupo Phureja) para la región natural andina, subregión natural Nudo de los Pastos. Informe de resultados. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.



Sarmiento, B. y J.E. Portela.2006.Evaluacion de doce genotipos de habichuela (*Phaseolus vulgaris* L.) Tipo voluble en la vereda la Isla municipio de Fusagasuga. Trabajo de grado. Facultad de Ciencias Agropecuarias, Programa Ingeniería Agronómica. Universidad de Cundinamarca.

Smith A.B., Cullis B.R., Thompson R. 2005. The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: An overview of current mixed model approaches. *Journal of Agricultural Science*. 143:1-14.

Sotelo, P.2009. Herencia de la resistencia a un nuevo Begomovirus en habichuela (*Phaseolus vulgaris* L.) en el Valle del Cauca. Tesis Maestría, Universidad Nacional de Colombia. Facultad Ciencias Agrarias. Coordinación General de Postgrados. Palmira.

Swanson, B.E. y Claar, J.B. 1987.Historia y evaluación de la extensión agrícola. In: La extensión agrícola. Manual de consulta (B.E. Swanson, compilador). FAO. Roma, p 1-22

Theobald, C.M., Talbot M., Nabugoomu, F.2002.A Bayesian approach to regional and local-area prediction from crop variety trials. *Journal of Agricultural, Biological and Environmental Statistics* 7: 403-419.

Valencia, J.A. y W. Romero.2013.Evaluación de características agronómicas y de calidad de vaina en 6 genotipos de habichuela (*Phaseolus vulgaris* L.) tipo voluble en Guavio bajo (Cundinamarca).Trabajo de grado. Facultad de Ciencias Agropecuarias, Programa Ingeniería Agronómica. Universidad de Cundinamarca.

Van Eeuwijk, F. 1995. Linear and bilinear models for the analysis of multi-environment trials: I. An inventory of models. *Euphytica*. 84:1-7

Velásquez, J. & Prada, P.1992. Adopción de Tecnología de Manejo Integrado de Plagas (MIP), en Habichuela en la Provincia de Sumapaz (Col). Linking small farmers with growth markets to build sustainable livelihoods in rural areas. Centro Internacional de Agricultura Tropical CIAT. Annual report 1997.

Vallejo, Estrada. 2002. Interacción Genotipo-Ambiente. En Mejoramiento Genético de plantas (183-201). Palmira: Universidad Nacional de Colombia.

Wescott, B. 1986. Some methods of analyzing genotype environment interaction. *Heredity* 56:243-253

Yang, R. and R. Baker. 1991. Genotype – environment interactions in two wheat crosses. *Crop Sci.* 31:83-87

Yan, W. 1999. A study on the methodology of cultivar evaluation based on yield trial data — with special reference to winter wheat in Ontario, Ph.D. thesis, University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada.

Yan, W. 2011. GGE Biplot vs. AMMI graphs for genotype-by- environment data analysis. *JISAS*. 65(5): 181-193.

Yan W., Cornelius P. L., Crossa J., y Hunt L. A. 2001. Two Types of GGE Biplots for Analyzing Multi-Environment Trial Data. *Crop Sci.* 41:656–663.

Yan, W., M.S. Kang, B. Ma, S. Woods, and P.L. Cornelius. 2007. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Sci.* 47:643–655.

Zobel, R. 1990. A powerful statistical model for understanding genotype–by–environment interaction. In: *Genotype–by–Environment Interaction and Plant Breeding*. M S Kang (Ed). Louisiana State University. pp: 126–140.